

PCT

WELTOORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG Ü.
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESEN

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00721		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(30) Prioritätsdaten: 1998 11 193.2 10. März 1998 (10.03.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und			
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatatumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, 5. genomische Sequenzen- aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer 20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen 25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

30 Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. 35 kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die 40 Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. 45 Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3-53; 142, 144-164, die in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen 10 zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 20 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

30 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung-erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

5 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

10 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

15 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

20 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 kodiert werden.

35 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

40 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch 10 genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs 15 der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34; 36, 39, 44-53; 142, 144-164, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden 20 genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende 25 Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

30 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5 ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10 Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15 N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20	

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

30 Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
35 Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
40 Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
45 Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

20 Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Prostata-Tumor ESTs.

35 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

40

45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen

ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5

Beispiel 2

10 **Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

15 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

20 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als 30 elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

35 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 36 gefunden, das 5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

40 Die mögliche Funktion dieses Génbereiches betrifft die Glutamat-bindende Untereinheit des NMDA-Rezeptors.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0465	0.0204	2.2731	0.4399
	Brust	0.0373	0.0283	1.3172	0.7592
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines- Gewebe	0.0292	0.0163	1.7861	0.5599
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0286	0.1357	7.3686
	Gehirn	0.0195	0.0350	0.5564	1.7973
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen- Speiseröhre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0274	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3424
	Prostata	0.0071	0.0341	0.2097	4.7677
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Dünndarm	0.0062			
	Prostata- Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse-Blutkörper- chen	0.0131			

35 FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0748
5	Eierstock-Uterus	0.0388
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0256
15	Sinnesorgane	0.0077

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, das 4,5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Protein-Steuerung (Protein-Traffiking) im Endoplasmatischen Retikulum (ER).

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines-	0.0036	0.0054	0.66981	1.4930
20	Gewebe				
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-	0.0193	0.0000	undef	0.0000
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Dünndarm	0.0093			
	Prostata-	0.0089			
40	Hyperplasie				
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weiße-	0.0026			
	Blutkörperchen				

45

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefäß	0.0000
	Lunge	0.0074
10	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
30	Sinnesorgane	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 40 gefunden, das 8x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Regulation der Protein-Kinase.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

15

20

25

30

35

40

45

	NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
Endokrines-	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
Gewebe				
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
Magen-	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Speiseröhre				
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0436			
Prostata	0.0119			
-Hyperplasie				
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0470			
Weiße-	0.0009			
Blutkörperchen				

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointenstinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
10	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
30	Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5					
10	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0122	0.0416	0.2922	3.4228
15	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0245	0.8186	1.2216
	Gastrointestinal	0.0252	0.0571	0.4411	2.2673
	Gehirn	0.0161	0.0131	1.2257	0.8159
	Haematopoetisch	0.0084	0.1135	0.0739	13.5274
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0189	0.8559	1.1683
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0342	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0265	0.0276	0.9599	1.0417
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
25	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0148			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0164			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
55	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0120			
60	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0153	0.3031 3.2995
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0082	0.2233 4.4791
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0099	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0192	0.2486 4.0228
	Uterus 0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499	
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef	
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968	
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0024	0.0170	0.1398	7.1516	
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
25	Brust-Hyperplasie	0.0036				
	Duenndarm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030				
	Samenblase	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0099	0.0129	0.7651 1.3069
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
40	Lunge 0.0037
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0275	0.0385 25.9489
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenn darm 0.0156		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
55	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0080	0.0022	3.6695 0.2725
	Eierstock 0.0061	0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe 0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0025	0.0077	0.3318 3.0142
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0071	0.7023 1.4239
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0300	0.0571 17.5127
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0057	0.0055	1.0285 0.9723
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0024	0.0170	0.1398 7.1516
	Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0245
50	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0200	0.0240	0.8340 1.1991
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655 1.3064
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenn darm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkörperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung	0.0000	
35		Gastrointestinal	0.0000	
		Gehirn	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0039	
		Herz-Blutgefaesse	0.0000	
		Lunge	0.0000	
40		Niere	0.0124	
		Prostata	0.0000	
		Sinnesorgane	0.0419	
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
				%Haeufigkeit
		Brust	0.0068	
		Eierstock-Uterus	0.0000	
		Endokrines_Gewebe	0.0000	
50		Foetal	0.0175	
		Gastrointestinal	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0000	
		Haut-Muskel	0.0000	
		Hoden	0.0000	
55		Lunge	0.0000	
		Nerven	0.0000	
		Prostata	0.0000	
		Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0027	0.0087	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0245	0.2977 3.3593
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0127	0.0208	0.6111 1.6363
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge 0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0238	0.0068	3.4733 0.2879
20	Pankreas 0.0095	0.0055	1.7142 0.5834
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0277	0.2581 3.8738
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenn darm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0111
40	Niere 0.0185
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0205
	Endokrines_Gewebe 0.0490
50	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0156
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL % Häufigkeit	TUMOR % Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000 undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000 undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000 undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000 undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000 undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0011 0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000 undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000 undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000 undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000 undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000 undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000 undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000 undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000 undef	undef
	Niere 0.0030	0.0000 undef 0.0000	
20	Pankreas 0.0000	0.0000 undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000 undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0064 0.0000	undef
	Uterus 0.0000	0.0000 undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Sämenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	FOETUS % Häufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN % Häufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0006		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0085	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0156		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698 1:4930
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0017	0.0044	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
25	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0011	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit	BIBLIOTHEKEN	
		Entwicklungsstadien	Normal
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	BIBLIOTHEKEN	
		Normal	Pathologisch
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0149	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0011	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0078
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS- %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
25	Duenndarm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0059				
	Samenblase	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
30	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
35	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
40	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
	Eierstock-Uterus	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
50	Foetal	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
55	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0000				
	Prostata	0.0192				
	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000 undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0042	0.0088	0.4838 2.0669
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0137	0.1541 6.4872
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Dueenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0154		
35	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0091		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0060		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0067	0.0065	1.0193 0.9811
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
10	Gehirn	0.0102	0.0033	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Hérz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275 0.7005
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung	0.0000	
35		Gastrointenstinal	0.0062	
		Gehirn	0.0563	
		Haematopoetisch	0.0118	
		Herz-Blutgefaesse	0.0082	
		Lunge	0.0111	
40		Niere	0.0124	
		Prostata	0.0000	
		Sinnesorgane	0.0000	
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
				%Haeufigkeit
				Brust 0.0544
				Eierstock-Uterus 0.0091
				Endokrines_Gewebe 0.0979
50				Foetal 0.0058
				Gastrointestinal 0.0122
				Haematopoetisch 0.0000
				Haut-Muskel 0.0097
				Hoden 0.0000
55				Lunge 0.0000
				Nerven 0.0161
				Prostata 0.0064
				Sinnesorgane 0.0000
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	%Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse
5					T/N
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000	
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Gehirn 0.0025	0.0011	2.3223	0.4306	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef	
	Lunge 0.0087	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864	5.3637	
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Brust-Hyperplasie 0.0000				
	Duenndarm 0.0000				
	Prostata-Hyperplasie 0.0030				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
	FOETUS		%Haeufigkeit		
35					
	Entwicklung 0.0154				
	Gastrointenstinal 0.0031				
	Gehirn 0.0063				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Herz-Blutgefaesse 0.0000				
40					
	Lunge 0.0037				
	Niere 0.0000				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0140				
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
			%Haeufigkeit		
50					
	Brust 0.0000				
	Eierstock-Uterus 0.0000				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0076				
	Gastrointestinal 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
55					
	Haut-Muskel 0.0097				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0082				
	Nerven 0.0030				
	Prostata 0.0064				
60					
	Sinnesorgane 0.0000				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0378	0.0000 undef
	Haut 0.0050	0.1693	0.0294 34.0525
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864 5.3637
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
55	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0447	0.0533 18.7729
	Uterus 0.0000	0.0071	0.0000 undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0191	0.2870 3.4837
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0238	1.0585 0.9447
	Gehirn	0.0068	0.0153	0.4423 2.2607
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz	0.0000	0.0412	0.0000 undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0262	0.0532	0.4922 2.0317
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge	0.0000
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0321
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0080	0.0087	0.9174 1.0901
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0054	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0051	0.0088	0.5806 1.7224
15	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0024	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
25	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
30	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0128	0.3729 2.6818
	Uterus 0.0083	0.0071	1.1604 0.8618
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
35	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
40	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0185
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0044	0.9174 1.0901
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0298	0.1598 6.2576
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0154
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0111
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0155

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0067	0.0065	1.0193	0.9811
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0008	0.0044	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0275	0.2312	4.3248
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata 0.0024	0.0170	0.1398	7.1516
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit	FOETUS	
		%Haeufigkeit	
30	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0204		
	Lunge 0.0185		
40	Niere 0.0247		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0136	
	Eierstock-Uterus 0.0023	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
50	Foetal 0.0111	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0194	
	Hoden 0.0000	
55	Lunge 0.0328	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0064	
	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0255	0.0932 10.7274
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			
65			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0192	0.2486 4.0228
	Uterus 0.0017	0.0142	0.1160 8.6176
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0128
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust 0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0076	0.0022	3.4835	0.2871
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7500
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit	FOETUS	
		Entwicklung	Gastrointestinal
35	Entwicklung 0.0000	0.0000	
	Gastrointestinal 0.0062	0.0062	
	Gehirn 0.0000	0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	0.0039	
	Herz-Blutgefaesse 0.0041	0.0041	
40	Lunge 0.0037	0.0037	
	Niere 0.0000	0.0000	
	Prostata 0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		Brust	Eierstock-Uterus
45	Brust 0.0068	0.0023	
	Eierstock-Uterus 0.0023	0.0000	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0017	
	Foetal 0.0017	0.0244	
	Gastrointestinal 0.0244	0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	0.0000	
55	Hoden 0.0000	0.0000	
	Lunge 0.0000	0.0070	
	Nerven 0.0070	0.0064	
	Prostata 0.0064	0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0128	0.7274 1.3748
	Brust 0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0082	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0042	0.0153	0.2765 3.6171
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0075	0.0024	3.1603 0.3164
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0137	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145		
25	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0123
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0123
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0140
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0156
55	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 142

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0122	0.0130	0.9349 1.0696
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0161	0.0044	3.6770 0.2720
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0117	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0075	0.0189	0.3950 2.5314
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0148
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
50	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
55	Lunge 0.0410
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 144

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0062	0.0056	1.0959 0.9125
	Dickdarm 0.0057	0.0028	2.0184 0.4955
	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
10	Eierstock 0.0059	0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0142	0.1132 8.8363
	Gehirn 0.0023	0.0140	0.1658 6.0318
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz 0.0061	0.0137	0.4430 2.2572
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0029	0.0074	0.3947 2.5338
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0185	0.0928 10.7785
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4958 0.6685
	Prostata 0.0066	0.0143	0.4604 2.1719
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0103	0.0138	0.7497 1.3339
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0211		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0354
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0128
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0131
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0225
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 145

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0390	0.1151	0.3387 2.9527
	Brust 0.0132	0.0014	9.3932 0.1065
	Dickdarm 0.0498	0.0114	4.3731 0.2287
	Duenndarm 0.0165	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0000	0.0072	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0124	0.1293 7.7318
	Gehirn 0.0278	0.0150	1.8568 0.5386
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0127	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0550	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0064	2.2671 0.4411
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0074	0.2319 4.3114
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0248	0.0552	0.4487 2.2285
	Prostata 0.0349	0.0638	0.5463 1.8304
	T_Lymphom 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0089	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0157	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0080		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0182
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0257
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 146

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0094	0.8297	1.2052
	Brust	0.0044	0.0042	1.0437	0.9581
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
10	Duenndarm	0.0165	0.0213	0.7730	1.2937
	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0070	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
	Herz	0.0030	0.0275	0.1108	9.0287
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0047	0.0091	0.5168	1.9350
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0139	
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 147

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust 0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm 0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
10	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000	undef
	Eierstock 0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0106	0.1509	6.6272
	Gehirn 0.0046	0.0080	0.5803	1.7234
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0041	0.0137	0.2954	3.3858
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0185	0.0928	10.7785
	Niere 0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Prostata 0.0057	0.0130	0.4341	2.3036
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0040			
	Penis 0.0000			
	Samenblase 0.0211			
	Sinnesorgane 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit	BIBLIOTHEKEN	
		N/T	T/N
30	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0121		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	BIBLIOTHEKEN	
		N/T	T/N
50	Brust 0.0068		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0304		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0046		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0209		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0141		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0203		
	Prostata_n 0.0182		
	Sinnesorgane 0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 148

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0125	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0079	0.0141	0.5636 1.7743
	Dickdarm 0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
10	Eierstock 0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0161	0.0231	0.6964 1.4359
	Gehirn 0.0156	0.0229	0.6812 1.4681
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0097	0.0055	1.7540 0.5701
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0246	0.0048	5.1067 0.1958
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0941 0.4775
	Prostata 0.0104	0.0221	0.4682 2.1360
	T_Lymphom 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0089	0.0092	0.9638 1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0107		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0493		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0557
	Endokrines_Gewebe 0.0735
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden_n 0.0125
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0248
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0042	0.0000 undef
	Dickdarm 0.0000	0.0028	0.0000 undef
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0019	0.0039	0.4823 2.0732
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblasé 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0050
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust 0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm 0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn 0.0029	0.0070	0.4145	2.4127
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0038	0.0052	0.7235	1.3821
	T_Lymphom 0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0094			
	Penis 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30				

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0257
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0100
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412	4.1464
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0009	0.0014	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0006	0.0010	0.5803 1.7234
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0049	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0075	0.0039	1.9294 0.5183
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Uterus 0.0015	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0028	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0110	0.3693	2.7082
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0078	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30			FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust 0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm 0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0009	0.0039	0.2412	4.1465
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0053			
	Penis 0.0027			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30				

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Brust 0.0088	0.0098	0.8946 1.1179
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0048	2.4886 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0019	3.3917 0.2948
	Gehirn 0.0205	0.0060	3.4255 0.2919
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0049	0.0037	1.3155 0.7602
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0192	0.3778 2.6472
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0037	2.7833 0.3593
20	Niere 0.0022	0.0096	0.2321 4.3085
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0066	0.0130	0.5065 1.9745
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Uterus 0.0046	0.0138	0.3368 2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0235		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0626
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
35	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0544
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0979
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden_n 0.0167
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0201
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
	Brust 0.0044	0.0098	0.4473 2.2357
	Dickdarm 0.0019	0.0057	0.3364 2.9727
	Duenndarm 0.0110	0.0107	1.0306 0.9703
10	Eierstock 0.0030	0.0119	0.2489 4.0182
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0089	0.3621 2.7613
	Gehirn 0.0017	0.0040	0.4352 2.2978
	Haut 0.0037	0.0789	0.0466 21.4787
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0237	0.5089 1.9650
	Lunge 0.0039	0.0037	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0038	0.0117	0.3216 3.1098
	T_Lymphom 0.0101	0.0224	0.4508 2.2182
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0123	0.0607	0.2029 4.9287
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0235	0.0000 undef
	Brust 0.0035	0.0070	0.5010 1.9961
	Dickdarm 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0006	0.0040	0.1451 6.8935
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0010	0.0275	0.0369 27.0862
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Prostata 0.0123	0.0456	0.2687 3.7211
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase 0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust 0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm 0.0287	0.0142	2.0184	0.4955
10	Duenndarm 0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0059	0.0167	0.3555	2.8128
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0177	0.3621	2.7613
	Gehirn 0.0087	0.0140	0.6217	1.6085
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
	Herz 0.0020	0.0412	0.0492	20.3146
	Hoden 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0039	0.0129	0.3007	3.3256
20	Magen-Speiseroehre 0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
	Niere 0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas 0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata 0.0254	0.0469	0.5426	1.8428
	T_Lymphom 0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0040			
	Penis 0.0054			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

	FOETUS	
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0278
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0075
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0141
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0158
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0000	0.0141	0.0000	undef
	Brust 0.0026	0.0028	0.9393	1.0646
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
10	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
	Eierstock 0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn 0.0000	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz 0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0037	0.2631	3.8007
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0123	0.0260	0.4703	2.1264
	T_Lymphom 0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus 0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0120			
	Penis 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

	FOETUS	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0139	
35	Gastrointestinal 0.0194	
	Gehirn 0.0063	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0260	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071	
	Lunge 0.0108	
	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0121	
45	Prostata 0.0499	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0608	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0075	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0030	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0293	
	Prostata_n 0.0061	
	Sinnesorgane 0.0387	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0125	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0044	0.0056	0.7828 1.2775
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0071	0.6790 1.4727
	Gehirn 0.0017	0.0050	0.3482 2.8723
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0071	0.0275	0.2584 3.8695
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0097	0.0074	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseröhre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0037	1.8555 0.5389
	Niere 0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0009	0.0104	0.0904 11.0571
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0059	0.0092	0.6426 1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoëtisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoëtisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0178
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0:0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0110
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoëtisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
65	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0038	0.0117	0.3216	3.1098
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000			
	Penis 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30				

	FOETUS	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000	
35	Gastrointestinal 0.0028	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0000	
45	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0012	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0098	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0000	
	Prostata_n 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 162

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0039	0.0070	0.5532 1.8078
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786 0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
10	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn	0.0214	0.0030	7.1565 0.1397
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105 4.7509
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278 1.0778
	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604 2.1719
25	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit																																																	
50	Brust	0.0340																																																	
	Brust_t	0.0000																																																	
	Dickdarm_t	0.0000																																																	
	Eierstock_n	0.0000																																																	
55		Eierstock_t	0.0051		Endokrines_Gewebe	0.0000		Foetal	0.0035		Gastrointestinal	0.0366		Haematopoetisch	0.0000	60		Haut-Muskel	0.0097		Hoden_n	0.0000		Hoden_t	0.0000		Lunge_n	0.0098		Lunge_t	0.0000	65		Nerven	0.0201		Niere_t	0.0000		Ovar_Uterus	0.0045		Prostata_n	0.0000		Sinnesorgane	0.0000	70		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000
	Eierstock_t	0.0051																																																	
	Endokrines_Gewebe	0.0000																																																	
	Foetal	0.0035																																																	
	Gastrointestinal	0.0366																																																	
	Haematopoetisch	0.0000																																																	
60		Haut-Muskel	0.0097		Hoden_n	0.0000		Hoden_t	0.0000		Lunge_n	0.0098		Lunge_t	0.0000	65		Nerven	0.0201		Niere_t	0.0000		Ovar_Uterus	0.0045		Prostata_n	0.0000		Sinnesorgane	0.0000	70		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000																
	Haut-Muskel	0.0097																																																	
	Hoden_n	0.0000																																																	
	Hoden_t	0.0000																																																	
	Lunge_n	0.0098																																																	
	Lunge_t	0.0000																																																	
65		Nerven	0.0201		Niere_t	0.0000		Ovar_Uterus	0.0045		Prostata_n	0.0000		Sinnesorgane	0.0000	70		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000																																
	Nerven	0.0201																																																	
	Niere_t	0.0000																																																	
	Ovar_Uterus	0.0045																																																	
	Prostata_n	0.0000																																																	
	Sinnesorgane	0.0000																																																	
70		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000																																																
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000																																																	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 163

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0070	0.0028	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0106	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0130	0.3571	2.8005
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0028	0.0065	0.4341	2.3036
	T_Lymphom	0.0025	0.0149	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointenstinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 164

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
	Brust 0.0053	0.0126	0.4175 2.3954
	Dickdarm 0.0057	0.0057	1.0092 0.9909
	Duenndarm 0.0110	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0119	0.9955 1.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0035	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0174	0.0040	4.3519 0.2298
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
15	Herz 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0059	2.0357 0.4912
	Lunge 0.0068	0.0148	0.4604 2.1719
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0037	1.8555 0.5389
20	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0052	0.3618 2.7643
	T_Lymphom 0.0126	0.0373	0.3381 2.9576
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0:0000
35	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0090
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits 10 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 20 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden 25 menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe 30 der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der 35 Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu würde das bekannte 40 Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird 10 eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht; so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich 15 die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs			
3	523-P-21			
20	446-E-12			
33	544-K-9	552-M-9	391-B15	228-G-2
36	420-I-3	395-G-4	489-A14	
44	194-A-22	438-F-10	491-A-16	
50	423-P-13	327-G-1	221-M-24	197-M-19
51	244-C-10	421-G-19		
53	342-M-13	347-N-18		
142	353-J-9	383-F-17	404-H-16	416-N-2
				501-A-5

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
3	in Prostataatumoren erhöht	Humanes Homolog zu der bovinen anorganischen Pyrophosphatase	Pyrophosphatas e	10q21.1-q22.1	SHGC-36251- D10S1428	246	1258	
4	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		2q35	SHGC-32022- D2S126	257	894	
6	in Prostataatumoren erhöht	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus Yarrowia lipolytica	TBC			225	1017	
7	in Prostata- und Brusttumoren erhöht	MLN 62	MATH: TRAF	17p12-q11.2	D17S798	192	671	
10	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153- D1S2740	225	870	
12	in Prostataatumoren erhöht	BCE-1		2q35	SHGC-32022- D2S126	215	1312	
13	in Prostataatumoren erhöht	GATA-3		10p15.1	D10S1431- SHGC-323335	230	1008	
15	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854- SHGC-36605	193	706	
17	in nicht normierten oder subtrahierten Bibliotheken nur im Prostata- u. Gehirntumoren nachweisbar	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529- D2S374	246	450	
18	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		Xq25-28	DXS1062- DXS9754	233	418	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
19	nur in Prostata- und Brusttumoren	Homolog zu der Inositol Polyphosphate-4-Phosphatase Typ 1beta.		20q13.2	D20S197- SHGC-33731	282	549	
20	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt				249	999	
21	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		4q31.22-31.23	D4S397- D4S2965	301	311	
22	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		16p11.2	SHGC-2727- SHGC-35326	231	527	
23	nur in Prostataatumoren nachweisbar	Unbekannt		9q21.31-21.32	SHGC-35114- D9S1122	224	359	
24	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		2p11.1 - 2p12	D2S388- D2S2579	242	1482	
26	nur in Prostataatumoren nachweisbar	Unbekannt		2q11.2	D2S2311- D2S2886	229	316	
27	in Prostataatumor und Hyperplasie erhöht	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120	209	369	
29	nur im normalen Lungengewebe, in Prostata- und in Endokrinen-Tumoren	Unbekannt		6q23.1-23.3	D6S1835- D6S1569	260	591	
31	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649	241	1631	
33	in Prostataatumoren erhöht	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70			247	844	
34	in Prostataatumoren erhöht	Unbekannt		17q11.2	SHGC-2348	386	1563	

Seq ID	Expression	Funktion	Modul	Cylogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
36	ca. 5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Homolog zu NMDA		8q24.3	AFMA128XH5	298	1557	
37	5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Unbekannt		18q21.1-18q21.33	D18S831-D18S64	213	1381	
39	ca. 4,5 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Humanes Homolog zu Sec61		3q22.1-3q23	SHGC-37132-SHGC-30693	224	615	
40	8 x stärker in Prostataumoren als im entsprechenden Normalgewebe	HUMANer INTESTINALer TREFOIL FACTOR HP1.B	Trefoil	21q22.3		276	834	
44	in Prostata- und Hauttumoren erhöht	Unbekannt		6q12-p12.1	SHGC-10670-SHGC-31710	207	997	
45	in Prostataumoren erhöht	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION CHANNEL_NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668-SHGC-30929	212	548	
46	in Prostataumoren erhöht	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120-D9S1812	241	1448	
47	in Prostataumoren erhöht	Homolog zu einem Protein kinase C substrat		16p13.3-q24.3	D16S521-SHGC-2951	165	1163	
48	in Prostataumoren erhöht	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028	260	906	

Seq Expression ID	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
49 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt		2p24.3	D2S1288	259	1222	
50 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt				277	649	
51 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt				272	1226	
52 in Prostata tumoren erhöht	Unbekannt		12q24.22- q24.23	D12S1619- D12S1915	249	1036	
53 in Prostata tumoren erhöht	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571- D10S583	228	758	
142 in Prostata tumoren erhöht	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI- 5780	317	1663	
144 2.1719 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		2q35	SHGC-32022- D2S126			2105
145 1.8304 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus <i>Yarrowia lipolytica</i>	TBC			1125		6
146 1.935 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153- D1S2740		1490	10

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangs-sequenz
147	2.3036 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	BCE-1		2q35	SHGC-32022- D2S126		1692	12
148	2.1361 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854- SHGC-36605		866	15
149	2.0732 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529- D2S374		992	17
150	1.3821 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostelium discoideum		GAMMA_CARB_OXYLASE			1640	20
151	1.1464 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog des ZFP-29 aus der Maus	zf-C2H2	16p11.2	SHGC-2727- SHGC-35326		974	22

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
152	1.9294 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120		1059	27
153	2.7643 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649		2003	31
154	4.1465 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert		HSP70	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus			1130	33
155	1.9745 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert			Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase typ 2 beta	17q11.2	SHGC-2348		5779
156	3.1098 x fach im Prostataumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Lysophospholipase	ESTERASE	6q12-p12.1	SHGC-10670- SHGC-31710		2408	44

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
157	3.7211 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN_NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-96688-SHGC-30929		1548	45
158	1.8428 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120-D9S1812		2319	46
159	2.1264 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028		1467	48
160	11.0571 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		2p24.3	D2S1288		1348	49
161	3.1098 x fach im Prostatalumor gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt					1290	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangs-sequenz
162	2.1719 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915		2912	52
163	2.3036 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583		850	53
164	2.7643 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata gewebe exprimiert	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780		2223	142

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz</u> (ORF's) <u>Seq ID No.</u>				
3	57				
4	58				
6	59	60			
7	61				
10	64				
12	66	67			
13	68				
15	70	71			
17	73	74			
18	75				
19	76	77			
20	78	79			
21	80				
22	81				
23	82				
24	83				
26	85				
27	86				
29	87				
31	89	90			
33					
34	92				
36	94				
37	95				
39					
40	97				
44	101	102	103	104	105
45	106	107	108		
46	109	110	111		
47	112	113	114		
48	115	116	117	118	119
49	122	123	124	125	
50	126	127	128	129	
51	130	131	132		
52	133	134	135	136	137
53	138	139	140	141	
142	143				
144	165	166			
145	167				
146	168	169			
147	170	171			
148	172	173			
149	174	175			
150	176	177			
151	178				
152	179	180			
153	181	182			
154	183				

<u>DNA-Sequenz</u> <u>Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz</u> <u>(ORF's)</u> <u>Seq ID No.</u>
155	184
156	185
157	186
158	188
159	190
160	192
161	194
162	196
163	198
164	199

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 werden 5 in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
20 Prostatatumorgewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 167

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1200 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

10 GGGCTCTCTC CTTGTCAGTC GGCGCCGCGT GCGGGCTGGT GGCTCTGTGG CAGCGGCGGC 60
 GGCAGGACTC CGGCACTATG AGCGGCTTCA GCACCGAGGA GCGCGCCGCG CCTTCTCCCT120
 GGAGTACCGA GTCTTCCTCA AAAATGAGAA AGGACAATAT ATATCTCCAT TTCAATGATAT180
 TCCAATTAT GCAGATAAGG ATGTGTTCA CATGGTAGTT GAAGTACAC GCTGGTCTAA240
 TGCAAAAATG GAGATTGCTA CAAAGGACCC TTTAAACCCCT ATTAAACAAAG ATGTGAAAAA300
 15 AGGAAAACCT CGCTATGTTG CGAATTGTTT CCCGTATAAA GGATATATCT GGAACATGG360
 TGCCATCCCT CAGACTGGG AAGACCCAGG GCACAATGAT AAACATACTG GCTGTTGG420
 TGACAATGAC CCAATTGATG TGTGTGAAAT TGGAAAGCAAG GTATGTGCAA GAGGTGAAAT480
 AATTGGCGTG AAAGTTCTAG GCATATTGGC TATGATTGAC GAAGGGGAAA CCGACTGGAA540
 20 AGTCATTGCC ATTAATGTGG ATGATCCTGA TGCAGCCAAT TATAATGATA TCAATGATGT600
 CAAACGGCTG AAACCTGGCT ACTTAGAAGC TACTGTGGAC TGGTTAGAA GGTATAAGGT660
 TCCTGATGGA AAACCAGAAA ATGAGTTGTC GTTTAATGCA GAATTAAAG ATAAGGACTT720
 25 TGCCATTGAT ATTATTAAAAA GCACTCATGA CCATTGGAAA GCATTAGTGA CTAAGAAA780
 GAATGGAAAA GGAATCAGTT GCATGAATAC AACTTTGTCT GAGAGCCCT TCAAGTGTGA840
 TCCTGATGCT GCCAGAGCCA TTGTGGATGC TTTACCACCA CCCTGTGAAT CTGCCTGCAC900
 AGTACCAACA GACGPGGATA AGTGGTTECA TCACCAGAAA AACTAATGAG ATTTCTCTGG960
 35 AATACAAGCT GATATTGCTA CATCGTGTTC ATCTGGATGT ATTAGAAGTA AAAGTAGTAG1020
 CTTTCAAAG CTTAAATTT GTAGAACTCA TCTAACTAAA GTAAATTCTG CTGTGACTAA1080
 TCCAATATAC TCAGAATGTT ATCCATCTAA AGCATTTC ATATCTCAAC TAAGATAACT1140
 TTTAGCACAT GCTTAAATAT CAAAGGAGTT GCCATTTGG AGGCACTTGT GAATAGGTGT1200

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 894 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 CTTCACGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA CCCCCTGCGC CACTGCGTGG 60
 GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT CTAGAGGAGC TGAACGCCG120
 CTACCACCCG GCCTTGCAGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG AATGGCTACC GACGCTTGA180
 TCCGGCCCGG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG GAGGCAGTGA CCCCCCAGGG240
 AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT300
 10 CTTGCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCTC ACGTCTCACT GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC360
 GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCTTT GCCACTGCAG CACTGGAGCC420
 TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCCCTGCT GCTACTGTAT GAGCCCGGCC AGGCCCAGCG480
 CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCAT GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG540
 TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA GCCGCACCC CACCACTACG600
 15 CCTCATGGAT CTACTCTCCA AGAAGCACCC GCTGGACACA CTGTTCTGC TGGCCGGGCC660
 AGACACGGTG CTCACGCCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC ATGCATGCCA TCTCCGGCTG720
 GCAGGGCTTC TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCCA GCTGTGGCCC CACCACAAGG780
 GCCTGGGCC CCAAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT GATGCCAGG CAGCCAGCGA840
 GGCCTGCTTC TACAACTCCG ACAACGGCAG CCCGTGGGCG CCTGGCGGCA GCTC
 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 1017 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CATAGTCAGC TCGTTGATGT GCTTGAGGAT CTCATTGGAG CCGAACCCGG ACAGCATGAG 60
 GGTGTCCTC TCCATGTCCA GGATGGCGCA GGGCACCAGC AGGTGCAGAT TGGGGCCAGG120
 GAGCCCTGTC CACAGCACCT CCCACAGCCG AAGGACATCC GGGAAAGGGGA ATTCCCTCTT180
 50 GAACCAGATG AGCAGCCACC GGAAACAGAA GCAGAGAGAG CCGGAGTCCT GGGAAATCCAG240
 GAAGTCGCAG AGCAGGGGGT CCAGCACCT CCGGAGGAGC AGCAGTCGCC CGAGTTGCCG300
 CTTCATGGTC TCCTGGCTCT CTTCAAAGCT CGAGCCGCTC GAGCCGAATT CGGCTCGAGA360
 AACCAAGCCTG CTCCTGGAGC TTCCCTGGAC TCAAACCTCCT AAAGGCATGT GAGGAAGGG420

5 TAGATTCCAC AATCTAATCC GGGGGCCATC AGAGTAGAGG GAGTAGAGAA TGGATGTTGG480
 GTAGGCCATC ATAAGGTCC ATTCTGCGCA GTATCTCAAC TGCGTTCAA CAATCGCAAG540
 AGGAAGGTGG AGCAGGTTTC TTCATCTTAC AGTTGAGAAA ACAGAGACTC AGAAGGGCTT600
 CTTAGTTCAT GTTTCCCTTA GCGCCTCAGT GATTGTTCA TGGTGGCTTA GGCCAAAAGA660
 AATATCTAAC CATTCAATT AATAATAATT AGGTCCCCAA CGAATTAAAT ATTATGTCCT720
 ACCAACTTAT TAGCTGCTTG AAAAATATAA TACACATAAA TAAAAAAATA TATTTTCAG780
 TTCTATTCA GTGTTAATGA GAACTACTTA CTAAGGAGAT GTATGCACCT ATTGGGACAG840
 TGTGCAAGTT CTTCAGCTGG GATTGAGGGT GGGCAATGCT GCCCCTCAAT TTCTGCTTCC900
 10 AGGTGGGTGG TTCCATATGG TACTTGAGTT TTTATCAGAG GGCCTGGGAA AACCCCAAGTC960
 TCACAAAAAT ATTGAAATTA TCAGAAGGGT TATAGTGGCA ATCTTATGTT GAAAGGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

CATAAGTATG GTTACAAAGCT GCAGGTGTCT GCATTCTCA ATGGCAATGG CAGTGGTAG 60
 GGCACACACC TCTCACTGTA CATTCTGTG CTGCGCTGGTG CCTTTGACAA TCTCCTTGAG120
 TGGCCCTTTG CCCGCCGTGT CACCTCTCC CTGCTGGATC AGAGCGACCC TGGGCTGGCT180
 40 AAACACACAGC ACGTCACTGA GACCTTCCAC CCCGACCCAA ACTGGAAGAA TTTCCAGAAG240
 CCAGGCACGT GGCGGGGCTC CCTGGATGAG AGTTCTCTGG GCTTTGGTTA TCCCAAGTTC300
 ATCTCCCACC AGGACATTG AAAGCGAAAC TATGTGCGGG ATGATGCACT CTTCATCCGT360
 GCTGCTGTTG AACTGCCCG GAAGATCCTC AGCTGAGTGC AGGTGGGGTT CGAGGGAAA420
 GGACGATGGG GCATGACCTC AGTCAGGCAC TGGCTGAAC TGGAGAGGGG GCGGACCCCC480
 45 CGTCAGCTGC TTCTGCTGCC TAGGTTCTGT TACCCCATCC TCCCTCCCCC AGCCACCAAC540
 CTCAGGTGCC TCCAATTGGT GCTTCAGCCC TGGCCCTGT GGGGAACAGG TCTTGGGTC600
 ATGAAGGGCT GGAAACAAGT GACCCAGGG CCTGCTCTCCC TTCTTGGTA GGGCAGACAT660
 GCTTGGGTGC C

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

40 CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCTC CTTCCACCTC TTCCCTTTCA 60
AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCTG GAGCCAAGCC CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG120
ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTCAGCC ACCATTGCA CAAGACACCC180
AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTG GAAGCACCCG CCCTTGTGC240
CTTGTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT ACACCAGAGT TTGCATTGGA300
AGGAATGAGT GTCACGTGG GAGGGAAAGGG GCCAGTGGAC CTTTGTAAG CTTTCCACTC360
AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTG AAATGGAACt CACTCCTTCC ACTTTCCCCC420
TTTCTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT480
GTCCTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT TTAATTATT TTTGTTGAGA540
TTTGCTAGA TGGCTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT600
CGGCGTTCGG AGGCCCCACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG CCCCCCAGGG TGGCTGTGCT660
GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCTCGG GTTGCACGC CCTTTTTAG720
35 GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA GGGGAGGTGT TTAACTTTCT780
AGTGATTGAT GATTGTCAAGG TTTTGAATA CCAAAGCTT TTTGTTCTGT TTTAAATAA840
ATATCTTCA AACTTAAAAA AAAAAAAA

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

15 TTAAAAGTTA TTTATGTTA ATGCTTAAAA GTCTGAATT ACAAACAATC TACCATTATA 60
GAAGTACTGG TGGTCAATAC AATGCATTAG AACTATGTAC AACGCACAGT TTAGTATCAA120
AATCTTCTA CACTGTAGAG TTTACGAAA CTGTTAATGA CATCAAACAC TAAGCACTTA180
AGACACCATT TTTTCTGCT ACCACATTAG GAACGTCAAT GGACAGTCCA TTTCAACTG240
CCGCATCCAT CCATTTCTAG TATGAAATTA AGTAATTTC TACTTATACA ATAAAGTATA300
TCTACACGGT TCTTTGATT TTGATCCATC GCAGCAACGG CACTGTACAT CAGCCTCGAG360
20 CCGATTCCGGC TCGAGCTTGC CTGTGCCCTA TGTCACTGAG GCCTCACGTC TCACTGTGCT420
GCTGCCTCTA GCTGCGGCTG AGCGTGAACCT GGCCCCTGGC TTCTTGGAGG CCTTTGCCAC480
TGCAGCACTG GAGCCTGGTG ATGCTGCGGC AGCCCTGACC CTGCTGCTAC TGTATGAGCC540
GCGCCAGGCC CAGCGCGTGG CCCATGCAGA TGCTTCGCA CCTGTCAAGG CCCATGTGGC600
AGAGCTGGAG CGGGCGTTCC CGGGTGGCCCG GGTGCCATGG CTCAGTGTGC AGACAGCCGC660
25 ACCCTCACCA CTACGCCCTCA TGGATCTACT CTCCAAGAAC CACCCGCTGG ACACACTGTT720
CCTGCTGGCC GGGCCAGACA CGGTGCTCAC GCCTGACTTC CTGAACCGCT GCCGCATGCA780
TGCCATCTCC GGCTGGCAGG CCTTCTTCC CATGCATTTT CAAGCCTTCC ACCCAGTGT840
GGCCCCACCA CAAGGGCCTG GGCCCCCAGA GCTGGGCCGT GACACTGGCC GCTTTGATCG900
30 CCAGGCAGCC AGCGAGGCCT GCTTCTACAA CTCCGACTAC GTGGCAGCCC GTGGGCGCCT960
GGCGGCAGCC TCAGAACAAAG AAGAGGAGCT GCTGGAGAGC CTGGATGTGT ACGAGCTGTT1020
CCTCCACTTC TCCAGTCTGC ATGTGCTGCG GGCGGTGGAG CGGGCGCTGC TGCAGCGCTA1080
45 CGGGGCCAG ACGTGCAGCG CGAGGCTCAG TGAGGACCTG TACCACCGCT GCCTCCAGAG1140
CGTGCTTGAG GGCCTCGGCT CCCGAACCCA GCTGGCCATG CTACTCTTG AACAGGAGCA1200
GGCAACAGC ACCTGAGCCC ACCCTGTCCC CGTGGGCCGT GGCATGGCA AAACCCACCC1260
35 CACTTCTCCC CCAAAACCAG AGCCACCGCC AGCCTCGTGG GCAGGGTTGG C

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN.

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN.

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

10 CCGCCATCCA GCCTGTCCTT TGGACCACAC CACCCCTCCA GCA~~T~~GGTCAC CGCCATGGGT 60
TAGAGCCCTG CTCGATGCTC ACAGGGCCCC CAGCGAGAGT CCCTGCAGTC CCTTCGACT120
TGCATTTG CAGGAGCAGT ATCATGAAGC CTAAACGCGA TGGATATATG TTTTGAAGG180
CAGAAAGCAA AATTATGTT GCCACTTGC AAAGGAGCTC ACTGTGGTGT CTGTGTTCCA240
ACCACTGAAT CTGGACCCCA TCTGTGAATA AGCCATTCTG ACTCATATCC CCTATTTAAC300
15 AGGGTCTCTA GTGCTGTGAA AAAAAAAAAT GCTGAACATT GCATATAACT TATATTGAA360
GAAATACTGT ACAATGACTT TATTGCATCT GGGTAGCTGT AAGGCATGAA GGATGCCAAG420
AAGTTTAAGG AATATGGGAG AAATAGTGTG GAAATTAAGA AGAAACTAGG TCTGATATTCA480
AAATGGACAA ACTGCCAGTT TTGTTTCCTT TCACTGGCCA CAGTTGTTG ATGCATTAAA540
AGAAAGGCAGA ATCATTGTT CAAAGCTGTT GGCCTCTGCA AAGGAAATAC CAGTTCTGGG600
20 CAATCAGTGT TACCGTT~~C~~AC CAGTTGCCAT TGAGGGTTTC AGAGAGCCTT TTTCTAGGCC660
TACATGCTTT GTGAAC~~A~~AGT CCCTGTAATT GTTGTGTA TGTATAATT AAAGCACCAA720
AATAAGAAAA GATGTAGATT TATTCATCA TATTATACAG ACCGAACTGT TGTATAAAATT780
TATTTACTGC TAGTCTTAAG AACTGCTTTC TTTCGTTTGT TTGTTCAAT ATTTCCCTC840
TCTCTCAATT TTTGGTTGAA TAAACTAGAT TACATTCACT TGGCCTAAGG TGGTTGTGCT900
25 CGGAGGGTTT CTTGTTCTT TTCCATTGTT TTTTGGGAT GATATTATT AAATAGCTCC960
TAAGAGTCCG GCGGCATCTG TCTTGTCCCT ATTCTGCAG CCTGTGCT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 706 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

5 GTTGGGGAA ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG 60
GGAGTGGAGA CTGCAAGAGG GAGGAAGGCG GGAACCTAGG AGGCCTGATT AAGATGGTCC120
ATCTACTGGT CTTGTCAGGT GCCTGGGGCA TGCAAATGTG GGTGACCTTC GTCTCAGGCT180
TCCTGCTTT CCGAAGCCTT CCCCGACATA CCTTCGGACT AGTGCAGAGC AACTCTTCC240
CCTTCTACTT CCACATCTCC ATGGGCTGTG CCTTCATCAA CCTCTGCATC TTGGCTTCAC300
AGCATGCTTG GGCTCAGCTC ACATTCTGGG AGGCCAGCCA GCTTACCTG CTGTTCTGA360
GCCTTACGCT GGCCACTGTC AACGCCCGCT GGCTGGAACC CCGCACCACCA GCTGCCATGT420
GGGCCCTGCA AACCGTGGAG AAGGAGCGAG GCCTGGGTGG GGAGGTACCA GGCAGCCACC480
10 AGGGTCCCAGA TCCCTACCGC CAGCTGCGAG AGAAGGACCC CAAGTACAGT GCTCTCGCC540
AGAATTCTT CCGCTACCAT GGGCTGTCT CTCTTGCAA TCTGGGCTGC GTCCTGAGCA600
ATGGGCTCTG TCTCGCTGGC CTTGCCCTGG AAATAAGGAG CCTCTAGCAT GGGCCCTGCA660
TGCTAATAAA TGCTTCTTCA GAAATGGCAA AAAAAAAA AAAAAAT

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN.

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

TAATGTTAA AATTCAATTAA GGATTTACCT TACTGCTGTA AAATCTGGTC TATTTAGTT 60
TCCTCTGGGT AGTTAGTGTGTT GCTAATAAGA TGGACGTAAG TGTTTTGAA CTGGTGAATT120
CTGATTGCTT TTAGCCCCCA GTTTTCCAAA TAGGGGTGAA TTCTGGGTAG AGATAGAAC180
ATCACCAAGT TACCTTGCTC CAAAAAAGAA ATTTACGTAT GGGATTGTT TCAAAGCGGG240
45 AAGTTAGCTG TGTAAATAAC ACAATTAA TATATTTAAT CTGGGCTTCT CCTTATCTG300
AATGATATAA AAATCTACTT TCTAGATCAA TTTAGTTCCA TATAACTTTG TATTGCTTG360
ACTGTACTGA TAATAAAGTT TGAAAGTGT AAATTTAAAA AAGAAAAAAA GAGGCAAAAG420
GAAAGACAAG AAAGGGACCC GGGAGGGATC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

cgaagattca aaagctccaa aaacctactg t²agacatcga agaaccaata tatacaatgg 60
gccaacaatc cagtgtccgc aggctgaaga ggagcgtccc ctgtgaatcc aacgaggccal20
acgaggccaa tgaggccaaac aagacgatgc cggagacccc aactggggac tcagacccgc180
aacctgcctcc taaaaaaaaatg aaaacatctg agtccctcgac catactagtg gttcgctaca240
ggaggaacgt gaaaagaaca tctccagagg aactggtgaa tgaccacgccc cgagagaaca300
gaatcaaccc cgacccaaatg gaggaggagg aattcataga aatacgacta aagccttaaa360
agtagcaaga agctacatcc ctcaaacttc ggcaatgaaa ataaagttt agaagctg

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ggggcccgcat gccactttcc tgccccagag tttaaacaga aagaagagtg tacaatccgt 60
ggccggagcc tgatacggat gagcatccag gggacacctg gaacccatcc 120
agaccctggt ggacaacatt cagagatatg tggaaagatgg gaagaaccag ctgctccagg 180
10 ccttgcgtgaa gtgcacagac acggagctgc agctgcgcag agacgcgatc ttctgccagg 240
ccctgggtggc cggcgtgtgc accttctccg agcaagctgct ggcggccctg ggctaccgct 300
acaacaacaa tggcgagatc gaggagagca gccgcacgc cagccgcäag tggctggagc 360
15 aggtggcgcc cacgggcgtc ctgctgcact gccagtcct gctctcgca ggcacagtga 420
aggagggacg ggccatgtg gaggtcatct gggtgacgct gtcagagctg gacaatttga 480
ccttctccct ttaagggagc tggccggga actatggg aatgtgttt 540
accgcatt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 999 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

45 CAAGATGACC TCTCCGTCT ACGGCACCGA CATGATGGTG GGCATGGGA CGTCGGATGT 60
GGACCTGGAC AAATACCGCC ACACGTTCTG CAGCCTGCTG GGCAGGGATG AGGACAGCTG 120
GGGCCTCTCC TACACGGGCC TCCTCCACCA CAAGGGCGAC AAGACCAGCT TCTCGTCGCG 180
GTTCGGCCAG GGCTCCATCA TTGGCGTGCA CCTGGACACC TGGCACGGCA CACTCACCTT 240
TTTCAAGAAC AGGAAGTGTAGGGTGTGGC AGCCACCAAG CTGCAGAACAGAGATTCTA 300
CCCGATGGTG TGCTCCACGG CGGCCCGGAG CAGCATGAAG GTCACCCGCT CCTGTGCCAG 360
50 CGCCACTTCC CTCCAGTACC TGTGCTGCCA CCGCCTGCGC CACTGCGGCC AGACTCGGGA 420
GACACGCTGG AGGGTCTGCC GCTGCCGCCG GGCCTCAAGC AGGTGCTACA CAACAAAGCTG 480
GGCTGGGTCC TGAGCATGAG TTGCAGCCGC CGCAAGGTCC AGTGTCCGAT CCCCAGGCAG 540

CGACCTCCGC CCACCCCAGC AGTCGCGAGC CTCGGCCCTG CCAGAGGAAG CGCTGCCGCC 600
GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC TTCTTGGGCT GGGACAGCCC TTTCCTCTGT 660
CCCTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC ACACTCCAGG GCGGAGTTGG ATGAGGCCCG 720
5 TCCGGAGGGA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT CCTTTCTGTG GGGGCTCTAG 780
GGCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA GCGGCTGCCCG TGAGCCCCAG GTCTGTGGG 840
AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT GTTCCCACAG GGCCTCGGTT 900
TTTCCTAACT TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG GCTGCCCGC CGTCATAGAC TTAAAGGACT 960
GCAATAATG TAGAGTTGAT GTCTAACAAA CAAAAAAA

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 311 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gggactttct ctgaatgcag atttggctcg aatgttatca ccataggagg atttggaca 60
gggagtgcca tcatcaaatt tctgattttt gaatgttgt tgtaatagca gttttggat120
ggtttgaagg agtagtagac aaaaggctga aaaccctgtc ggagagcagt agtccaggag180
40 agatgaaact gagtgataga atggaaaaga aagggtttga gaggttgtt ggggaaggga240
ggttggagaa ataactttct gattgccaaa catgtgttca gacattctgc tcatccttat300
ctatctaatt t

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 527 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

GAGACCTCTT GCAAGATGCT TCTCTGCCGC CATAGGCTGG AGGTTCCCCG GGAAATTTTC 60
CCTTCCTTCC TAGCTGAGGA AGATCCCTCA CTTCCGCTCG CCGCGCCACC GGTCCCACCT120
20 CCCCGCCCCC CGCTGGTCC TAGCGCCGGC CCCTGTTGG CAGGGTCCGG GCTCCGTCGG180
TGCAGGGAGC CGACGCCGAC GCCACGGAGT CAGCACAAAGT CTCATCAGAG AAACCCCGTT240
CACCAAGGCC ATGGAAGTGG AGGCTGCAGA GGCCCCTGGCC CCAGCCCCCG GCTACAAGCG300
CTCGGGCCGC CGCTACAAGT GCCTGTCTGT TACCAAGACA TTTCCAAACG CGCCCAAGGGC360
25 AGCGGCCAC GCTGCCACAC ATGGGCCGGC AGACTGCTCT GAAGAGGTGG CCGAGGTGAA420
GCCAAAGCCA GAGACAGAAG CTAAGGCAGA GGAAGCCAGT GGGGAGAAGG TGTCAAGGTC480
CGACGCCAAG CCTAGGCCCT TATCGGTGTC CGCTATGCC CAAGGCC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:359 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 GTTCCAGACA GAAGAAATAG CAAGTGCCGA GAAGCTGGCA TCAGAAAAAC AGAGGGGAGA 60
TTTGTGTGGC TGCAGCCGAG GGAGACCAGG AAGATCTGCA TGGTGGGAAG GACCTGATGA120
TACAGAGGTG AGAAATAAGA AAGGCTGCTG ACTTTACCAT CTGAGGCCAC ACATCTGCTG180
AAATGGAGAT AATTAACATC ACTAGAAACA GCAAGATGAC AATATAATGT CTAAGTAGTG240
ACATGTTTT GCACATTCC AGCCCCTTA AATATCCACA CACACAGGAA GCACAAAAGG300
AAGCACAGAG ATCCCTGGGA GAAATGCCCG GCCGCCATCT TGGGTACATCG ATGAGCCTC

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1482 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
20 hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

35 cggggcgctc cggggaggcc aggacagctg atggttgtgc cagaacacatc tcaaggtagc 60
tggtcggccc ccactcccc atctacctct tggctccccc ccaacaccac caccaccctg120
gctcccccctcc ctcatgaccg cctggatctt cctgcctgtc agcctgtcag cgttctccat180
caactggcata tggactgtgc agcccaaggc tggatgtac caccatgtat gcccctgtgga240
40 gaactggtcc tacaacgagt cctgcctcc tgaccctgct gagcaagggg gtcccaagac300
ctgctgcacc ctggacgatg tccccctcat cagaagtgt ggctcctatc ccccaagaaag360
ctgcctcttc agcctcattt gcaacatgg tgcttcatg gtggccctga tctgcctcct420
gcgctacggg cagtcctgg agcagagtcg gcactcttgg gttaaacacca cggcaactcat480
cacaggctgc accaacgctg cgggcctctt ggtgggtggc aactttcagg tggatcatgc540
45 caggtctctg cactacgtt gacgtggcgt ggccctccct gcggggctgc tctttgtttg600
cctgcactgt gctctctccct accaaggggc caccggccccg ctggacctgg ctgtggccta660
tctgcgaagt gtgctggctg tcatgcctt tattcaccctg gtcctcagtg gagtcttctt720
tgtccatgag agttctcagc tgcaacatgg ggcagccctg tgtgagtggg tgtgtgtcat780
50 cgatatcctc attttctatg gcaccttcag ctacgagttt gggcagttt cctcagacac840
actggggct gcactgcagc ctacccctgg ccgggcctgc aagtccctccg ggagcagcag900
cacctccacc cacctcaact gtgccccccg gacatcgct atgatctaag gtctggggag960
ggtggctggc ccggcctcca cagcacccca ccccatatct tctttccatt tatttcgtac1020
caaaaacaat tttgagaaag tattctgttgg gatctggc ttccctactt ctggagaagt1080

5 ggccatccca tgcccacctg tgccatggag gagtgggccc tgccagctgc cacagctgca 140
tgacctgctt cccccacccca cgggtgcgtt ttgttttaa aggtcacctg tcctcactca 1200
cccagccagc ccttcaggtg ccttctactc ccagtgccaa agccagacca ctggggttc 1260
ctgctgcagg aattggggc tggAACAGC agaggggata gaagtctgg 1320
tgggcacgcc ttagcctacg gaaaaaccca tttctggcc cactgagctg cactgggatt 1380
cttcactctg cccctcaactt cctttagggc aaataacaca gcagaaccac gtgggtat 1440
tagtacttt ttttatatta aaaaaaaact aaattggcaa aa

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 316 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

35 gaaatccaaa caactgccat tgatttattc atttatttca caaatat 60
ccagcatgct ctgtgggtg ctgtgtgg gctgggggtg ccaggatgag aaacagccgt 120
gtggctgtgc tcttggcttc accagccaga cgagtgttgc ctggcaagg agaaaggact 180
cacaaggctt acacatttgc tgccctca 240
40 ccaatctcct tggccat tagggatataatgaaat taatgaaatg aggaattgcc 300
taaaaactaag ggagtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 369 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SÉQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

20 cttcagccgc attcagcccc tacttacctg gggaccccggtctggggcacg agagtaccag 60
ggggtaggg cccaaaggga tcagggaaag cctctggct ggagggtatg gggcacgctt120
ccccaaaggc ggaccggca ggaggaaagcc caggagctgg gtcctgccc ccaggagctg180
ggccctgcca cccaggccgg gctagggaca tggcagggcc tgggcatcct gacgctggac240
ttgggcgacc tgggaggcac agggaggggga gagatgggcg ggcccccggc agcgcagtgc300
cgcccacacc catgcacccga agctcctccc tgccacgccc caaggcggtt gccggagctt360
25 accgggggt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 591 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

5 ggcgcatccg agccatggcc cagcaggtgt ttatgctgga cacccagtgc tcaccaaaga 60
caccacaaa cttgaccac gctcagtctt gccagctcat tattgagctg cctcctgatg120
aaaaaccaa tggacacacc aagaaaagcg tgtctttcag ggaaattgtg gtgagcctgc180
tgtctcatca ggtgttactc cagaacttat atgacatctt gttagaagag tttgtcaaag240
gccccctcc tggagaggaa aagacgatac aagtgccaga agccaagctg gctggcttcc300
tcagatacat ctctatgcag aacttggcag tcatattcga cctgctgctg gactctata360
10 ggactgccag ggagtttgcac accagccccg ggctgaagtgcctgtgaag aaagtgtctg420
gcacatcgaaaa cggcccaac ctctaccgccc agtctgcgtat gagcttaac atttatttcc480
acgccttgtt gtgtgctgtt ctcaccaatc aagaaaaccat cacggccgag caagtgaaga540
agtccttt tgaggacgac gagagaagca cggattcttc ccagcagtgt t

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1631 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

45 gccccagcag gtctccgagc agccactggg acccgctca gcacatcctg gcctttgaaa 60
gtctgatatac ctgagaggag ggcagggttt agggccgag ttccagccag cgtccccagc120
ctggcttccc tgccatggac tcagtagctc gtggggcttc ttaccaccca ccagccccgc180
tgggtgcgg cctggctgtg ggcaaaggag gacttgcctg gagatttgag agaagattcc240
ttctaccagg gctgctgagg ggccaggcct gcatcagggg ctaggctctg gctggggccg300
gaggtgaga ctaaggctt cgaccctggt gcctccatgt ggatgctgcc tcagacaaag360
gcagtgagcc ttccctgcca aagtccccat cccatgggct cggcctcaact ggtcactgtt420
agcccatgaa cacgtgtggg cctcggtcac gtggcttga gggcagtctg accaggctag480
50 accacacgtg ccgtgacagg ggggccatt cccctcgca gctctaattgt gcccacatgt540
agcctggcag tccaaagacc aagaatcaac ttgcaaattct gccattaaac tgctgtgc600
cttcaggcat atcactgcct tctctggcatt ctagtgcct tttcataacct agaagtctgc660
ggtctgaggc tctttgggtt cagacacact gttctaggct tctgtagggg accttgc720

ctgccgtgcc cctcctccct gttctttct gtcctccca ccccacccctc agaagctgct780
 tgctctgccc ccaggacagg agcttgacgg atgaagtgcga gccagccacc caggtgccat840
 ttccagtctg acttccagaa atgtgcacca tgtccttagag cacagaccca ttggctggag900
 5 cctcctggga gggttcaaac catcagctct atgagaaaatg ccagaaaagg ctttgcac960
 tccatccgtc tgtggaggt gcctgcctcc ggggtggat gggtgtttc tcctccaatt1020
 cagacccaag aggttagcccc cgagggcatg tacctgggttga gaagcagctc aggtaccctt1080
 ggggggttgcgca gggcccttac gcaggttatt ctctctctc cctctctggg gtgcgtgtt1140
 gcgtgcgcgt gtgcgtgcct atgctttct ctgtgggcac atcaggatgc ccctcggagal200
 10 gcatgtgcac gtgtccccac ctgagcgagc gtgtgtgtgt gtcctctgc gtcccagggtt1260
 tggacgtcta gggttgggtg tgccctgtctt ctgcctctcc tgagcccaca gggtcagtc1320
 atgtatcttacgtgcctc tcctctgtcc ttctctcaca gtgccccccgg ctccagagct1380
 cagggtagg ggttctctg agggtagcagg ggatccttct catctctgg accctccagg1440
 15 gcactctggt ccctattccc cagctcttag gcagctgagc cgggtccctt aggggaggtg1500
 accaggagct ttggtgcaagg gagctcttgg tggggcaaaag ggctggaccc ctgcccagggtc1560
 tgtggacatg gttatatgcc cggggagagg ggggtgcagg gccccaggga tggccccc1620
 tcccacctct g

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 844 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

tatttttttttttactgata tattgttagtt taataaaaaca tagtttatac agttcattga 60
 45 aaaagtatctt taatacaaac accacttata cacaacca aatgttgata ttcttgtttt120
 taaaaattct tgatttctct aaaacactaa gatgctatct caatagagat tgcttcacat180
 tttccagttt ctgtatctgt gcatgtcaca tgtaaaagatc catccctttt catagtaaga240
 acagctaata tatcacgtaa tccatttct ttttatcta aatcctggag tacaacctgt300
 gcaaacttgg tttcctctttt ggcagagttc ttcccatcaag actcatagag ttcaaggcac360
 50 actgaagata tgcttcagg ggcttgcaat gtgtgttgc ttgcagctgg caaaggagtc420
 cctgatggaa acagcactgt gaatctactg gtcctgtt cngtccacac ctttaactaa480
 aatatctctg gctgaacact ctatcataag agagtcttcc accaacaggt tttcttccc540
 aataagaatt cctgcttcta tagctgcacc aataggatc acttcatca gaggataga600

attgagaagc tcaacagctg ggaaaagatc tttaatcagt tgctgttagct ttgggatcg660
agaagaccct ccacaaagga caaccttgg t gatcatct gctgtaaatc cattttgatc720
taagagtctt ctgattgctt ctatacactt attaaaaagt ggagaacaaa gaagttcaaa780
tcttgctctg gacacattgc aatcaaaatc ttgacacccca tataatgagt caagaaaaca840
5 gttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1563 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 34:

aatgttagaga aagtggäctc atcccccaag cgttgtctgc ccccaactt tcctccctgg 60
gtccccccat tctttactg ggcagtcgag ggcattggag gggaaatgac tgccctcagc120
35 ctcaactccct ggggccatga agaaaaagcta aacagtctca tggcatctca gaataatgtt180
gggtctccca agaagaaaagg tgtaagaata acgacatggc tgattaggcg aggccaggt240
agggctaagg ccaggattcc tggctggcat ccagtccacc cttctcccat ccttccccct300
cttcttccac aagtccgcag ccgagacact gtatgtctcc agccacagtg atgagtgc360
tggagactcc actgacactt agatgaaggc ccctggccct gtttctgtt aattaaccc420
40 tgggtctttg agtcccccaag cacaacttc ttccctgtac cctgcggctt ggggtcacag480
ggcatgccgg gaagccacag ctgagggggcg cagactgaag cagtgtccca cctctccctc540
tttagctcag gggttgtctgg tctgtggcag ggcacacgg tggccccctgt ggctgttctc600
agtggcagtc tcttaagttc ccaccacagg cagcttttta tccctctcc ctacttgact660
ctttctcttg cctgtgtctt tggctctaaa caggcctgtc ggtacgcctc agggcgtgag720
45 gctacactcc tgccctgcct ttccctgtctt catggctctgc caggcatac ctggggagg780
tggaccaaag acccaggact ttttgcagta gccagtccta ccccccagtt gtctttttac840
caattcaggg tgggagagaa aactgcagca ccccaagcatg tgatgtactc aggtgttggg900
ggctagaagg gacagtgcgt taaaacaaca ctcagagctc tggccttaaa cctgtggccc960
50 cccaagtcta ggacgcctcat ctcttcctgg cagtcatgcg ggcaggaggt cctgaaagg1020
aaaacccatt cagacaactg ttcccccaatc taccagccat ctgcagggggt cagtgaccgt1080
ggccctctcc ctccctctaga atgtgccact tatgaagagt gccccatggg gaaaaggag1140
ctcagctgtc ctttggcagc ttgtgccagt atcccaaggc agaagttcc acaggagcc1200
cttgcctctg cgcaagccca ctgtgagagg cgggtggagc caacacccctt gggggagggg1260

gcagtactgc tcggcacatc ccagcatcag gtcagatcat taaaataaa aaatgtgaat1320
taagttcata tccaccttt gggaaagcag gacaaaccac caccacca agtgtgtgac1380
ttctccatat cccactgcag tttccatTTT ttaaatggga atttcaatc ccctgtgctt1440
gtctaacgTC tgcttaaaa agtttgagac cctgttactg tttgaaaatg catgcatgtt1500
acgatgaatc tccaacctga ggaaaaaaat aaaactcaaa aagcttgtg taaaaaaaaa1560
aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1557 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

ctacggctcg ccagggtagc cccatggccc cagccccctac ccccaagggg gctaccacaca 60
gggtccctac ccccaagggg gctaccacaca gggccccctac ccacaaggagg gctaccacaca 120
gggccccctac ccccaagggg gctaccacaca gggggccatat ccccaaggagg gctaccacaca 180
ccaaacctcta tggacagcca cagggtttcc caggacaaga ccctgactca ccccaaggcatg 240
gaaactacca ggaggagggt ccccccattct actatgacaa ccaggacttc cctgcccacca 300
actgggatga caagagcatc cgacaggcc tcatccgcaa ggtgttccctc gtgctgacct 360
tgcagctgtc ggtgaccctg tccacgggtgt ctgtgttccat ttttggcg gaggtgaagg 420
gctttgtccg ggagaatgtc tggacactact atgtctccata tgctgttccctc ttcatctctc 480
tcatcgctct cagctgtgt gggacttcc ggcgaaagca cccctggAAC cttgttgacac 540
tgcagtcggc cctgaccgccc agcctgtcgta acatgggtggg gatgatcgcc agcttctaca 600
acacccgggc agtcatcatg gccgtgggca tcaccacage cgtctgttcc accgtcgta 660
tcttctccat gcagaccgc tacgacttca cctcatgcatt gggcggtctc ctggtgagca 720
tggtggtgct ttcatcttc gcattctct gcatcttcat ccggaaaccgc atcctggaga 780
tcgtgtacgc ctcactggc gctctgtct tcacctgtt cctcgcagtg gacaccgc 840
tgctgtctggg gaacaaggcag ctgtccctga gcccagaaga gtatgtgttt gctgcgtga 900
acctgtacac agacatcatc aacatcttcc tgtacatctt caccatcatt ggcgcgcca 960
aggagtagcc gagctccagc tcgctgtgcc cgctcagggtg gcacggctgg cctggaccct 1020
gccctggca cggcagtgcg gctgtacttc ccctctctt tgtccccagg cacagcttag 1080
ggaaaaggat gcctctctcc aaccctctg tatgtacact gcagatactt ccatttggac 1140
ccqctgtqgc cacagcatgg ccccttagt cctccggccc cggccaagggg gcaccaaggc 1200

```

cacgtttccg tgccacacctc tgtctactca ttgttgcatg agccctgtct gccagccac1260
cccaggact gggggcagca ccaggccccg gggagagggta ttgagccaag aggtgagggt1320
gcacgttcc cctcctgtcc cagctccccca gcctggcgta gagcacccct cccctcccc1380
ccaccccccct ggagtgtctgc cctctggggta catgcggagt gggggtctta tccctgtgct1440
gagccctgag ggcagagagg atggcatgtt tcaggggagg gggaaagcctt cctctcaatt1500
tgttgtcaagt gaaattccaa taaatgggat ttgctctctg caaaaaaaaaaa aaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1381 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

agtactctga cacctccacc ctctacttta ttagaattgg aaggcaaatt tttgtccaaa 60
aacctacaga caagtacttt gagagaattt ccaatataat attagacata atgataattt120
tttccatact cagaatgaaa aactggatat tacgttttg ttttggggtt ttttgtaca180
aatttagcta atagctacag gctgagagaa ttgttaacata gcatgacaaa ttttgtgtt240
acttggaaagg aatcacacca ttattccttta gaagtaatta catgtgttct aacacattt300
agacagggtt ggactcccat ttctcatccg agaaattact taacccttcc tggcgctgtta360
cagtcatctt ttattcttatt tcctctttgc tggtttagt agagacatt tgaatgaaac420
ttggcaactgc ttgattcaaa actgtggaaa ccagatctgt ttagtctcct gtttgtatgc480
gtttgctaatt ggtagctaaa taaccagttt tggtgtaaa tgcaccaatt ctgaaggcac540
tttatgtact acatggaggt catatctggt tttgtttta ttttttatac atgaacattt600
aatgtgatga tgatttctt tcctgeaca catcttccg gtgcaatatc tatcaattgt660
gaatctggct gctgggttat aaaaacctgg atgtaaagct gagcctacag acctgtcctc720
accaactgtt ttgtgatttc tactcaacta caaagattt ttaatgtac tcttaatcta780
actgagttt gttaccaatg acctgttgc tgcttcaata ccgtgtactg cctgagttgt840
gcctcttgc tgcttagatta aaagtggagac agagacttga cttgatcctc tgagctcaag900
ctattgagct ggtagtgca gaggactgag ggtacctgca cagtttgatt ctttccacg960
tgtaagtctc cattgcagaa ttgtcggtct ttgagaaaaac acctgaggca gtgtgggagt1020
tgaacgaccc tgctgtcctt tttaacctgt gttgtcctag accctgtcgg ggcagtcagg1080
ggacactaga gatttgatct catgcgagtc atcaatagga caaaaaagtt gtggtttggg1140
gaggtctgtt tgttacataa aaaggaccc tcgggtgtaa agaatttgcgt ttttaccctg1200

ccctggctgg catgtgagaa gccatggaag gttgtggttg taaatgagtt gtctaaagggl260
gtgcagagggc ctgaggtttc taaaagaagg tagatttcta cagagctgag tggtggcc1320
tttttcttat tggttggaaa ttacctggta gtgatcagaa aacttagatg ctatgtact1380
a

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

30

gttgctccag tgtttggaaat aagaagactc atgttatct ctggagacct tgctggcagt 60
gctagccagg aaacagagtg accaaggac aagaaggac ttgcctaaag ccacccagca120
actcagcagc agaaccaga tggccccag gctcctccat atggcccagg gcttaccacc180
ctatcacacg tggcttgtc tagacccagt cctgagcagg ggagaggctc ttgagacctg240
atgccttcct acccacatgg ttctcccact gccctgtctg ctctgctgct acagagggc300
agggcctccc ccagccacag cttaggaatg cttggccctct ggcaggcagg cagctgtacc360
caagctggtg ggcagggggc tggaggcac caggcctcag gaggagcccc atagtcccgc420
ctgcagcctg taaccatcgg ctggggccctg caaggccac actcacgccc tgggggtat480
ggtcacggtg ggtgggtggg ggctgacccc agcttccagg ggactgtcac tggacgccc540
aaaatggcat aactgagata aggtgaataa gtgacaaaata aagccagttt ttacaaggt600
aaaaaaaaaaa aaaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctggagctt gacaaaggca tgcaggagag120
aacaggagca gcccacagcca ggagggagag ccttcccaa gcaaaacaatc cagagcagct180
gtgcaaacaa cggtgataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt240
cccgagccc acggtggtca tggctgccag agcgtctgc atgctgggc tggccctggc300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgcccgt360
gccagccaag gacagggtgg actgccccta ccccatgtc accccccaagg agtgcaacaa420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tggtgtttca agcccctgca480
ggaaggagaa tgcacccctt gaggcaccc cagctgcccc cggccgggg atgcgaggct540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcag ctttctgtc600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg660
aataaaaggta ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg720
tgctttatcc tggctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc agggagagt ctgcccaggc780
ctcaaggcga ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

35

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

10 tgcctctctg caatagacag ctactgtcaa tacatgctgt aatttgacat tctgggtcac 60
agatataagg tatttaaaat ctatattatgc tttatagaga aaccagacat taaaacttc120
15 tgcactactt atttcgaatt actgtaccc ttccaaattt acaccttagct attaggatct180
tcaacccagg taacaggaat aattctgtgg tttcattttt ctgtaaacaa ctgaaagaat240
aatttagatca tattctagta tttctgaaa tatcttaag actgatctt aaaactaact300
tctaagatga tttcatcttc tcatacgata gagttactt tgtacacgtt tgaaaccaac360
tactgttagaa gatgaggaat ctattgtaa ttttgcctt attttcatct ggcagtggac420
20 ttatttgaaa ttttcaactt agtcaaatta tttttgtat tagttttga tgcagacata480
aaaatagcaa tcattttaaa ttgtcaaaat ttccagatta ctggtaaaaa ttatttgaaa540
acaaacttat gggtaataaaa ggctagtcag aaccctatac cataaagtgt agtaccata600
cagattaata ttagcaaaa atgtatgctt gatatttctc aactgtgtt attttctgc660
tgtattccag ctgaccaaaa caatattaag aatgcatctt tataaatggg tgctaattga720
25 taatggaaat aatttagtaa tggactatac aggatgttaa taatgaagcc atatgttat780
gtctggattt aaaaattttt aacaatcatt tactatgtca tttttttta ctttgaagaa840
cataaactgt tatttcactt ctacaaatca gcaagatatt atttatggca agaaatattc900
cattgaaata ttgtgctgta acatggaaa gtgtaaatgt ttttcatggt ttctatcaat960
gtgaaataaaa attaattct gaaaaaaaaa agaaaga

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN: -----

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

caaacagctg gggcccaaga tcgtcatcgt gagcaagatg atgaaggacg tttttttttt 60

5 cctcttcttc ctcgcgtgtg gctggtagcc tatggcgtgg ccacggaggg gctcctgagg 120
ccacggaca gtgacttccc aagtatcctg cggcgctct tctaccgtcc ctacctgcag 180
atcttcgggc agattccca ggaggacatg gacgtggccc tcatggagca cagcaactgc 240
tcgtcgagc cggcttctg ggcacacccct cctggggccc aggcccac ctgcgtctcc 300
cagtatgcca actggctgtt ggtgctgctc ctcgtcatct tcctgctcg 360
ctgctggtca acttgctcat tgccatgttc agttacacat tcggcaaagt acagggaac 420
agcgatctct actggaaaggc gcagggttacc gcctcatccg ggaattccac tctcgccccg 480
cgctggccccc gcccattatc gtcatctccc acttgccct cctgctcagg caattgtgca 540
ggcgagcc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gtatttcgtg agaagttcaa cacaaaaact ggaacatagt tctccttcaa gtgttggcga 60
cacggcgct tcctgattct ggaatataac tttgtgtaaa ttaacagcca cctatagaag 120
40 agtccatctg ctgtgaagga gagacagaga actctgggtt ccgtcgctct gtccacgtgc 180
tgtaccaagt gctggtgcca gcctgttacc tttctctact gaaaagtctg gctaattgtc 240
tttgttagtc acttctgatt ctgacaatca atcaatcaat ggcctagagc actgactgtt 300
aacacaaaacg tcactagcaa agtagcaaca gctttaagtc taaatacaaa gctgttctgt 360
gtgagaattt tttaaaaggc tacttgtata ataacccttg tcattttaa tgtacaaaac 420
gctattaagt ggcttagaat ttgaacattt gtggctttta ttactttgc ttgtgtgtg 480
45 ggcaaagcaa catttccct aaatatatac tccaagaaaa agcaagaagc agatttagtt 540
tttgacaaaa caaacaggcc aaaagggggc tgacctggag cagagcatgg tgagaggcaa 600
ggcatgagag ggcaagttt ttgtggacag atctgtgcct actttattac tggagtaaaa 660
gaaaacaaag ttcatgtatc tcgaaggata tatacagtgt tagaaattag gactgttag 720
aaaaacagga atacaatggt tgttttatc atagtgtaca catttagctt gtggtaatgt 780
50 actcacaaaa ctgattttaa aatcaagttt atgtgaattt tgaaaattac tacttaatcc 840
taattcacaatc taacaatggc attaaggattt gactttagtt ggttcttagt attattatg 900
gtaaataggc tcttaccact tgcaaataac tggccacatc attaatgact gacttcccag 960
taaggctctc taagggtaa gttaggaggat ccacaggatt tgagatgcta aggccccag 1020

5 gatcgttga tccaaaccctc ttattttag agggaaaaat ggggcctaga agttacagag 1080
catctagctg gtgcgctggc acccctggcc tcacacagac tcccggatcg ctgggactac 1140
aggcacacag tcactgaagc aggcctgtt tgcaattcac gttggccacct ccaactaa 1200
cattcttcat atgtgatgtc cttagtcact aagttaaac tttcccaccc agaaaaggca 1260
acttagataa aatcttagag tactttcata ctcttctaag tccttccca gcctca 1320
gagtccctcct tggggttgat aggaatttc tcttgctttc tcaataaaatgt ctcttattcat 1380
ctcatgttta atttgtacgc atagaattgc tgagaaataa aatgttctgt tcaactaa 1440
aaaaaaaaa

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 1163 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

ctcgggcaag tgcttcagcc tggggagag tcggaagaga tgcacgggtc ctggaagaga 60
cctcacactg atccccaggc tccaagcatc tcttccgact ctcgggcaag tgcttcagcc 120
40 tggggagtc cacgtgatgc cagggtgggt gcgagggtgg gctggggcgc agctgcggac 180
cccccttcatg ccatctgtgt cccaggtac aagtatgatgt tctggccgtt ccacaacgtg 240
acccagcagc agcagacctt ccgctggaaac gcctacagtgc ggatccctcg catctggcac 300
gagttggaga tcgccaacaa cacttcacg ggcatgtgg tgaggacgg tgacgcctgc 360
cgttcccgaa gccggcagag caaggtggag ctggcgtgtg aaaaaagcaa ccggctggcc 420
catgtgtccg agccgagcac ctgcgtctac gcgctgacgt tcgagacccc cctcgctgc 480
45 cacccccacg cttgtctgt gtacccaacc ctgcgtggagg ccctgcagcg gcagtggac 540
caggtagacg aggacctggc cgatgagctg atcacccccc agggccatga gaagttgtg 600
aggacacttt ttgaggatgc tggctactta aagaccccaag aagaaaatga acccaccac 660
ctggagggag gtcctgacag cttgggggtt gagaccctgg aaaactgcacg gaaggctcat 720
50 aaagaactct caaaggagat caaaaggctg aaaggtttgc tcacccagca cggcatcccc 780
tacacgagggc ccacagaaac ttccaaacttgc gagcacttgg gccacgagac gcccagagcc 840
aagtctccag agcagctgcg gggtgaccca ggactgcgtg ggagttgtg accttgtgt 900
gggagagcag aggtggacgc ggccgagagc cctacagaga agctggctgg taggaccgc 960
aggaaccaggc tgaccaggct tggctcaga gaagcagaca aaacaaagat tcaaggttt 1020

aattaattcc catactgata aaaataactc catgaattcc tgtaaaccat tgcataaatg1080
tctatagtgt aaaaaaattt aaacaagtgt taactttaaa cagttcgct acaagtaat1140
gattataaat actaaaaaaaaaaa aaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 906 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

cgaggaccgg ctttgcgagc ggcgacacta taaaatggcg cgtgctgcaa cccgcgcccc 60
cttcggagag agaaatgctg ggggtgcagct tcaagcttag gaccacccac catgcctatc120
caggtgctga agggcctgac catcaactcat taagaacaga ggaggctgccc tgtaactcct180
25 ggtgttgcac ccctccagac actctgtgt ttccctgccta ggcgtggctg cagccatggc240
taggaaagcg ctgccacccca cccacctggg ccagagctgg ttctgctcct gctgcaggga300
cactgagctg gctatctcg cgcttcgggc aagaactgca acagagctctc ctgggtcctg360
caggtgtaca gcccggcccc tgccttgc ctcagctctc gagagctgct gctgccgggt420
40 gacctgatcc aacctgataa ggtgccatct tcaagctacca ctgcaaggcc ctgagggcaa480
cagcagcacg gcactgccc cccggctgt gatggctgg tgccagctgg gagtcctcccc540
ggcacttcga ggccactgag ccacccttcc agccccagcc caccatggac aggggtatcc600
agcttcctcc tcaacctcgt cctctgcctt tgagccagtg acgccaagg acatgcctgt660
tacccaggtc ctgtacaagg actagctgtt aaaggccatg acagtgctgg aggcccgtctt720
55 ggagatccag gccatcactg gcagcaggct gctctccatg gtgcaggc cccgcaggcc780
accaggctca tgctggacc caacccagtg cacaaggact tggctgctga gccacacacc840
caggagaagg tggataagtg ggctaccaag ggcttcctgc aggctagggg aggagccacc900
ccgctt

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 1222 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

tattagatat ggcagaaaaa ccatttccac tatgcaaagt tcttttagac gtcagtaaaa 60
atcaactctc atacctcatg gtctctctt aattgaccaa aaccttccat ttttcttaa120
atacaaagcg atctgtttc tgagcaacct ttccccgaac acacagcttc agtgcagcac180
gctgacctga gtatccacca tggccaggc acagtgtgg gcacacgagg caccaggc240
cggggccaccc gccccgacca aggcccagct gaggtgggtgg agggagcccc tgaggtcagg300
ggccgtttcg gttcagggtg gcaggtgtcc agcaactgggg tatggcgtcg aggctccat360
gggggtgggg aggccagctt ccttctgaca ggtatgggcgc atacagtgcc tggtgtgatt420
tgtgcacaac ccgtgttcca ggtgcacatc ctcccaagga gacacccaga cccttcagc480
acggggccgc caagttgtc cggcggaggc agcatttcag ctgtgaggaa ggtcatggaa540
ttcatgtgtt ttatctgtaa aaatgggtgt cttaacttct taacctcata ttggtaagtg600
attgataaaa attgggttgtt gtttcatgac atgtggactt cttttgaaat agcaagtcaa660
atgttagtgac caaattgtgg aagagatttc tgtcaaatag gaaatgtgtaa720
aaagctgtat gttatgtaaat ttgctcaggc actcagatga cagcagattc tgggttctgg780
gagtgttctg tgccttttac atgcccctgga ggctctatgg tctcagtgtc gaggcggcac840
acctgttagca cacctgcgtt atgtgcggtc tggccagtc acaaggaatt gtgttgtcta900
agccaaaggg ggaagctgac tgtgatttac caaaaaaaaaat tctgttaattc aaacaaaaat960
gtctgcggaa tcaccagttt gataactctt gtaatcagaa cagtggcag tgcctgggtg1020
40 aacgtgtcta gcagccactg tgcgggatcg ctgttaacagg agtggaatgt acatatttat1080
ttactttct aactgttcca acagccaaat gcctttttta tgaccattgt attcagttca1140
ttacccaaaga aatgtttgca ctttgttaatg atgcctttca gttcaaataa atgggtcac1200
ttttcaaatg gaaaaaaaaa aa

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 649 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

20 agatattatg gatggtaag ggaatggat agaattggag agattatctt actgaacacc 60
tgtagtccta gctttctctg gaagtgggg tatttgagca ggatgtgcac aaggcaattg120
aaatgcccatt aatttagttt ctagcttga atacactata aactcagtgg ctgaaggagg180
aaattttaga aggaagctac taaaagatct aatttgaaaa actacaaaag cattaactaa240
aaaagtttat ttcccttttgc tctgggcagt agtggaaata actactcaca acattcacta300
25 tgtttgcgag ggattaaacac aaataaaaaga tgccttttta cttaaacacc aagacagaga360
acttgcccaa tactgagaag caacttccac tagagaggga actgttaat gtttcaacc420
cagttcatct ggtggatgtt tttgcaggtt actctgagaa ttttgcattt gaaaaatcat480
tatttttagt gtagttcaca ataatgtatt gaacataactt ctaatcaaag gtgctatgtc540
cttgtgtatg gtactaaatg tgcctgtgt actttgcac aactgagaat cctgcagctt600
ggttaatga gtgtgtcat gaaataaata atggaggaat tgtcaaaaaa

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1226 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

5 cccaaactcca cccagggatc ctgggtgtacg ggctgacctg ttatgcttt ctgcccattcg 60
gccccttggg gagccacggc gggagggtgga gatccacccgg cgatatgtgg cccagtcgtt120
ccagctcttt attctctact tcttcaacccctt gcccgtgtt tccacttacc tgccccaggaa180
taccctcaaa ctgctccctc tgctcaactgg tctcttgcc gtctcccggc tgatctactg240
10 gctgaccttt gccgtgggccc gctccttccg aggcttcggc tacggcctga cgtttctgcc300
actgctgtcg atgctgatgtt ggaacctcta ctacatgttc gtgggtggagc cggagcgtcat360
gctcactgccc accgagagacc gcctggacta cccggaccac gcccgtctgg cetcggacta420
caggccccgc ccctggggctt gaggctctcc gcccctcgccc tcggagtagg gggtagcggc480
ttgggtctga cacatctttt aaccttggg ccaggcctgg acttcgtcccc caggcctagg540
15 accgcgggtgg gtggaaaccctt gctactgccc caacaggac tccaaatcaat cggagttctc600
cccttgcggg agctgcccctt caccttggg gcccggagaca gtcataaggg atggacttag660
ttttcttgca gggaaaagg tgacagccg tggttcttaa ggtatgttagg ggcatggggc720
caggaccagg ggagaggcac agctccctcc tgagcagcct ctcaccactg ccacaaggct780
20 ccctaattgtt ggtctctgtt ccactccccc gcttcccgtg aggccaggagg cagagccaca840
gccaaggccc tgaccacttc tggccagggt gtctaaggac agcgccctca ggcgcgttggaa900
aatgccttaa ggatagaaggc tggcatcac atcaaattggg actgtgggtt ttggtaaaaa960
ccttcctgag gatctggatt caggaccctc catgactggc ctattactg ttacagctg1020
25 gccagtgcag agctgctgtt cttttacccctt tttagggcccc tggtaacttcc cacctttaaa1080
ctgcccagaa ggcatgcctc tcccacagaga agaggggagc agacaggaa atctgcctac1140
caagaggggt gtgtgtgtt ttgtgcccac acgtgggtggc tggggagtgc ctggatgggtg1200
cggtgggtga tggtaaccta gtgtgt

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

5 aactgatatt gggaaagttt gttgagggtc aagtgtact cttccagag ccacaggtag 60
 gggaggtgta agttgagggg gaggaaagct ggaaggactc tgccttggga gattccacgc120
 tctgcttcc agcgcttggt ggaatctggg ctggggaaag acggcaccgg gaaactctgc180
 ttcccattt tttccatctg atcagctgtg gtgtgaggac ttctcagaca aaggcaaggc240
 ctcgtgcccc tgcccagccc attcatggag ccctgggcct tcttggcttc catagatcct300
 aagctcttga ctgttagttt gccagactt gtttgcatac ttataaggcag ttcagaattt360
 10 gggaaatgctg gtttgaaga gcaaaggaca ggtagtctag agagggtcgt ctggcctgct420
 tgctgggtct ttgttaaccca gcacttcctc ttggccctct ggctttatgt ttatggggag480
 aggactcaat agctccaccc cttctggcac cagatggggc ttggtagtt tgcaataagc540
 accttgcaga ggttaaagcc agcgggtccc tagtcttagg cccagcctgc ttgtgtggc600
 tctggcttgg cctgggtggct ggcccagggg gcagcagtgc ttagagcttc tgcaggcctt660
 15 ctcttggtaa cacagctgca tcagacaaat ccatttctcc ccaccacggg accttcacatc720
 taagatttct tccagggaaat gccagcaatc aggagcaac cagctgtggg ggcagtgggg780
 tggggagac ccacattgtat gactttttt ttttctttta atgaagaaac accaaagaaa840
 gctgtggaaa ggacctgccc cacatgaaaa ggataagcca agatggctgt aaacacagag900
 20 catggtagct gccactctt gggcacattt attttcaaa agccagctct gtcagggaaag960
 gaggtgctgt tatgagcagc tcttccagtg ggcaaagagg acgcccataa tttttccat1020
 tgcttagctca tctgtg

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA-library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

CGGCACGAGC TCCCAGGGAA CCTAGGTTTC AGCGGGCGCT GCGATGACCA AAATAAAGGC 60
 AGATCCCGAC GGGCCCGAGG CTCAGGGGAA GGGGTGTTCC GGGGAGCGCA CCTACCCAGGA120
 GCTGCTGGTC AACCAGAAACC CCATCGCGCA GCCCTGGCTT CTCGCCGCCT CACGCGGAAG180
 CTCTACAAAT GCATCAAGAA AGCGGGTGAAG CAGAAGCAGA TTGGCGCGGG GGTGAAAGAG240

10 GTTCAGAAAT TTGTCAACAA AGGAGAAAAA GGGATCATGG TTTGGCAGG AGACACACTG300
CCCATTGAGG TATACTGCCA TCTCCCAGTC ATGTGTGAGG ACCGAAATT GCCCTATGTC360
TATATCCCCT CTAAGACGGA CCTGGGTGCA GCCGCAGGTC CAAGCGCCCC ACCTGTGTGA420
TAATGGTCAA GCCCCATGAG GAGTACCAAGG AGGCTTACGA TGAGTGCCTG GAGGAGGTGC480
5 AGTCCCTGCC CCTACCCCTA TGAGGGGCTC CGGTAGCACC TGGGCACCTG CCGCTGGAAG540
CTATTGGGCT GGCAGCAGGA CGACTGGCTG TCCTCCTGCC CACCCACACT GACGGCATCT600
TCCCAGTTCC CCAAGGCACG CCTTCTTCCC AGGCAGCTCT AACAGCCCTT TCATGAAGGT660
AATGCTAGTC TTCTGTCCAT CAGTGCCATT TCCTGTAGAA CTAAAGGCTG TTCCAAGAAT720
GTGGGGTGGG GAAAGTAAAT GCTAAGACTA AAAAAAAA

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

MVVEVPRWSN AKMEIATKDP LNPIKQDVKK GKLRYVANLF PYKGYIWNYG AIPQTWEDPG 60
HNDKHTGCCG DNDPIDVCEI GSKVCARGEI IGVKVLGILA MIDEGETDWK VIAINVDDPD120
AANYNDINDV KRLKPGYLEA TVDWFRRYKV PDGKPENÉFA FNAÉFKDKDF AIDI IKSTHD180
35 HWKALVTKKT NGKGISMNT TLSESPFKCD PDAARAIVDA LPPP CESACT VPTDVKWFH240
HQKN

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5 MEYTLDLQLE ALTPQGGRGP LTRRVQLLRP LSRVEILPVP YVTEASRLT VLLPLAAAERD 60
LAPGFLEAFA TAALEPGDAA AALTLLLYE PRQAQRVAHA DVFAPVKAH VAELEERRFGA120
RVPWLSVQTA APSPLRLMDL LSKKHPLDTL FLLAGPDTVL TPDFLNRCR MHAISGWQAFF180
PMHFQAFHPA VAPPQGPGLPP ELGRDTGRFD RQAASEACFY NSDNGSPWA PGGS

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

30

RNLLHLPLAI VERQLRYCAE WTLLMAYPTS ILYSLYSDGP RIRLWNLPLP HMPLGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

VQGSSRSRLV SRAEFGSSGS SFEESQETMK RQLGRLLLLR RVLDPLLCDF LDSQDGSGLC 60
FCFRWLLIWF KREFPFPDVL RLWEVLWTGL PGPNLHLLVA CAILDMERDT LMLSGFGSNE120
ILKHINELTM

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

25 HKYGYKLQVS AFLNGNGSGE GTHLSLYIRV LPGAFDNLLE WPFARRVTFS LLDQSDPGLA 60
KPQHVTETFH PDPNWKNFQK PGTWRGSLDE SSLGFGYPKF ISHQDIRKRN YVRDDAVFIR120
AAVELPRKIL S

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

50 SPKVQNHRCP QAPKKGRANP RMTAQPAPSY RQQHSHPGGP RPSLGTVGPP NAETDITANT 60
HHLQGMQKPS SKISTKIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR120
VPWLSVQTAAPSPRLMDILL SKKHPLDPLF LLAGPDTVLT PDFLNRCRMH AISGWQAFFP180
MHFQAFHPAV APPQGPGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL240
25 LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ300
LAMLLFEQEQ GNST

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

KQASLAAWRS KRPVSRPSSG GPGPCGGATA GWKAWKCMGK KACQPEMACM RQRFRKSGVS 60
TVSGPASRNS VSSGCFLESR SMRRSGEGAA VCTLSHGTRA PGKRRSSSAT WALTGAKTSA120
50 WATRWAWRGS YSSSRVRAAA ASPGSSAAVA KASKKPGARS RSAAARGSST VRREASVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

PPSSLSFGPH HPSSMVTAMG

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

45

LGETHEGTRP RRVAVHPGAW E

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL 60
GFTACLGSAG ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPANRGE GARPGWGTR120
QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALSRW P CPGNKEPLAW180
20 ALHANKCFFR NGKKKKKN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

NLVYFSFLWV VSVANKMDVS VFELVNSDCF

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

50.

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

15 NNHQVTLLQK RNLRMGLFSK REVSCVNNNN FIYLIWASPY LE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

KIQKLQKPTV DIEEPIYTMG QQSSVRLKR SVP CESNEAN EANEANKTMP ETPTGDSDPQ 60
PAPKKMKTSE SSTITVVRYR RNVKRTSPEE RVNDHAREN R INPDQWRR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:
GPACHFPAPE FKQKEECTIR GRSLIRMSIQ GTPGTSPTPS RPWWTTFRDM WKMGRTSCSW 60
PC

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO77:

30 35 SAQTRSCSCA ETRSSARPWW PPCAPSPPSC WRPWATATT MASTRRAAAT PAASGWSRWR 60
PRASCCTASP CSRERQ.

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

QDDLSRLRHR HDGGHRDVGC GPGQIPPHVL QPAGQG

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

40 GQLGPLLHGP PPPQGRQDQL LVAVRPGLHH WRAPGHLARH THLFQEAEVY RCGSHQAAEQ 60
ELILPDGVLH GGPEQHEGHP LLCQRHFPV PVLPPPAPLR PDSGDTLEGL PLPPGLKQVL120
HNKLGWVLSM SCSRRKVQCP IPRQRPPPPTP AVASLGPARG SAAAGPD

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

70 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

AECLNTCLAI RKLFLQPPFP NTPLKTFLFH SITQFHLSW TTALRQGFQP FVYYSFKPSQ 60
TCYYKQHSKI RNLIMALPVT NPPMVITFRT NLHSEKV

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25 LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSRR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSP APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRAARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE120
TEAKAEEASG EKVSRSDAKP RPLSVSAMPO G

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

50 RLIDDPWRWP GISPRDLCAS FCASCVCGYL KGLEMCKNMS LLRHYIVILL FLVMLIISIS 60
ADVWPQMVKAAFLISHLCI IRSFPPCRSS WSPSAAATQI SPLFF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

WLCQKHLKVA GPPPLPHLPL VLPPTPPPPW LPSSLMTAWIL LPVSLSAFSI TGIWTVQPKA 60
VMNHHVCPVE NWSYNESCPP DPSEQGGPKT CCTLDLDPVPLI SKCGSYPPES CLFSLIGNMG120
AFMVALICLL RYQQLLEQSR HSWVNTTALI TGCTNAAGLL VGNFQVDHAR SLHYVGAGVA180
25 FPAGLLFVCL HCALSYQGAT APLDLAVAYL RSVLAVIAIFI TLVLSGVFFV HESSQLQHGA240
ALCEWCVID ILIFYGTFSY EFGAVSSDTL VAALQPTPGR ACKSSGSSST STHLNCAPIES300
IAM

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

50 MCKPCESFLL AKATLVWLVK PRAQPHGCFS SWHPQPQHST PQSMLDAFSK YL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 APATALGRGR EELRCMGVAG TALGRARPSL PSLCLPGRPS PASGCPGPAM SLARPGWQGP 60
APGRQDPAPG LPPAGSALGE ACPIPSRPEA SPDPFGPYPP GTLVPQPGSP GK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

40 MAQQVFMLDT QCSPKTPNNF DHAQSCQLII ELLPDEKPNG HTKKSVSFRE IVVSLLSHQV 60
45 LLQNLQYDILL EEFVKGPSPG EEKTIQVPEA KLAGFLRYIS MQNLAVIFDL LLDTSYRTARE120
FDTSPGLKCL LKKVSGIGGA ANLYRQSAMS FNIYFHALVC AVLTNQETIT AEQVKVLFE180
DDERSTDSSQ QC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

PCPQTWQGSS PLPHQELPAP KLLVTSPKGP GSAA

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

45 TLPGGSSQWV-CALGHGAHFW-KSDWKWHLGG-WLHFIRQAPV-LGAEQAASEG-GVGRTEKNRE 60
EGHGGRSGPL QKPRTVCLNP KSLRPQTSRY EKDTEAQRRQ

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

NVEKVDSSPK RCLPPLFPPW VPPFFYWave GIGGEVTALS LTPWGHEEKL NSLMASQNNV 60
GSPKKKGVR TTWLIRRGQD RAKARIPGWH PVTPSPILPP LLPQVRSRDT VVSQPQ

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: - 321 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 TVSQGSPMAP APTPKGATHR VPTPKGATHR APTHKRATHR APTPKGATPR GHIPRAPSAP 60
NPYGQPQVFP QGDQDPSHQHG NYQEEGPPSY YDNQDFPATN WDDKSIRQAF IRKVFLVLTL 120
QLSVTLLSTVS VFTFVAEVKG FVRENWWTYY VSYAVFFFISL IVLSCCGDFR RKHPWNLVAL 180
QSVLTASLSY MVGMIASFYN TEAVIMAVGI TTAVCFTVVI FSMQTRYDFT SCMGVLLVSM 240
VVLFIAFAILC IFIRNRILEI VYASLGALLF TCFLAVDTQL LLGNKQLSLS PEEYVFAALN 300
LYTDIINIFL YILTIIGRAK E 321

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

25 YSDTSTLYFI RIGRQIFVQK PTDKYFERIS NIILDIMIIF SILRMKNWIL RFCFGVFLYK 60
FS 62

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60 MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

75 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MSGFKNFKQS FTMSFFFFTLK NINCYFTSTN QQDIIYGKKY SIEILCCNMG KCKCFSWFLS 60
M

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MHYLFTRITVP YPNLHLAIRI FNPGNRNNSV VSFFCKQLKE

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MARNIPLKYC AVTWESVNPF HGFYQCEIKF NSEKKKK

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

35 MKIKQKITID SSSSTVVGFK RVQSKLYTMR R

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

MIAIFMSASK TNTKNNLTKV KISNKSTGR

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

25 MDVALMEHSN CSSEPGFWAH PPGAQAGTCV SQYANWLVVL LLVIFLLVAN ILLVNLLIAM 60
FSYTFGKVQG NSDLYWKAQV TASSGNSTLG PRWPRPLSSS PTCASCSGNC AGE

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45.

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

50 MPTGWWCCSS SSSCSWPTSC WSTCSLPCSV THSAKYRATA ISTGRRRLPP HPGIPLSARA 60
GPALYRHLPL APPAQAIQQA S

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

MAMSKLTSRM LATSRKMTRS STTSQSLAYWE TQVPAWAPGG CAQKPGSDEQ LLCSMRATSM 60
SSWGICPKIC R

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

45 MLRPQRSFDP TLLFSEGKMG PRSYRASSWC AGTPGLTQTP E

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

MNRDFIEKAR ENSYQPQGGL KVRLEEDLEE YESTLRFYLS CLFWVGKFNL SD

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

MNFVFFYSSN KVGTDLSTTN LPSHALPLTM LCSRSAPFWP VCFVKNLICF LLFLVIYI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 296 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

LGQVLQPGGE SEEMHGSWKR PHTDPQG PSI SSDSRASASA WWSPRECRVG ARVGWGAAAD 60
PPHAICVP RY KYEFCPFHNV TQHEQTFRWN AYSGILGIWH EWEIANNTFT GMWMRDGDAC120
RSRSRQSKVE LACGKSRLA HVSEPSTCVY ALTFETPLVC HPHALLVYPT LPEALQRQWD180
15 QVEQDLADEL ITPQGHEKLL RTLFEDAGYL KTPEENEPTQ LEGGPDSLGF ETLENCRKAH240
KELSKEIKRL KGLLTQHGIP YTRPTETS NL EHLGHETPRA KSPEQLRGDP GLRGSL

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

IFLHYRHLCN GLQEFMELFL SVWELIKTLN LCFVCFSEHK PGQLVPAGPT SQLLCRALGR 60
40 VHLCSPTRRS QTPTQSWVTP QLLWRLGSGR LVAQVLQVGS FCGPRVGDAV LGEQTQFD120
LL

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 QGVGVADEGG LERQRVDAGA RLGHMGQPVA FSTRQLHLAL PAPGTAGVTV PHPHAREGVV 60
GDLPLVPDAE DPTVGVPAGE LLVLGHVVER AELILVPGDT DGMRGVRSCA PAHPRTHPAL120
TWTPPG

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

MARKALPPTH LGQSWFCSCC RDTELAISAL RARTATGSPG SCRCTAGPLP CASALESCCCC 60
RVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

20 MTVLEAVLEI QAITGSRLLS MVPGPARPPG SCWDPTQCTR TWLLSHTPRR RWISGLPRAS 60
CRLGEE

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
25 (C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

MLGCSFKLRT THHAYPGAEG PDHHSLRTEE AACYSWCCIP PDTLLFPA

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MSLGVTGSGA EDEVEEEAGY PCPWWAGAGR VAQWPRSAGR TPSWHQAISS RVGSAVLLP 60
SGPCSG

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

30 MAAATPRQET AECLEGCNTR SNRQPPLFLM SDGQALQHLD RHGGWS

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

MVRPFSTWIG MVGGPKLEAA PQHFSLRSGR GLQHAPFYSV AARKAGP

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) Strang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

25

MVGWGWKGGS VASKCREDSQ LAPGHQQPGG QCRAAVALRA LQW

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) Strang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

IQSDLCLSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTVK RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

50

IQSDLCLSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LP RRH PDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

25

MCQAQCWAHE APRSGPPARS KAQLRWWREP LRSGAVSVQG GRCPALGYGV EASMGWGRPA 60
SF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MASRLPWGGG GQLPSDRMGA YSAWCDLCTT RVPGAHPPKE TPRPFQHGPA KLLRRRQHFS 60
CEE GHWIHVF YI

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20 MNPMFLTAE MLPPPQQLGR PVLEGSGCLL GRMCTWNTGC AQITPGTVCA HPVRRKLASP 60
TPWKPRRHTP VLDTCHPEPK RPLTSGAPST TSAGPCCGQV ARTLVPRVPS TVPGTWWILR120
SACCTEAVCS GKGCSEHRSI CI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

40 MFSTQFIWWM FLQVTLRILL MKNHYF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 MPFYLNKTE NLPNTEKQLP LERELLNVFN PVHLVDVFAG YSENFAYEKS LFLV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MGISIALCTS CSNTTSRES WDYRCSV

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

MNTLIKPSCHR ILSCAKVHRT HLVPYTRT

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

MLFCPSALWG ATAGGGDPPA ICGPVGPALEY SLLLQPGRAF HLPAPGYPQT APSAHWSLCR 60
LPADILLADLC RGPLLPRRL RPDVSATAVD ADVEPLLHVR GGAGAHAHCH REPPGLPGPR120
PLGLRLQAPP LGLSLSALAL GVGGSGLGLT HL

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 MTGLFTVYSW PVQSCCSFTF LGPCNFPPLN CPEGMPLPQE EGSRQGNLPT KRGVCVFVPT
RGGWGVPGWC GG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 MDLVFLQGKR WTAVFLKDAE GMGPGPGERH SSFLSSLSPL PQGSIMLVSA PLPGFP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

30 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MPAIRQHPAV GAVGWGRPTL MTFFFNFNEE TPKKAVERTC PT

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

5 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

20 MAVNTEHLSC HSWSTLIFQK PALSGKEVLL

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

25 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

40 MKRISQDGCK HRAFELPLLE HIDFSKASSV RKGGAVMSSS SSGQRGRP

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

45 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

MLCVYSHLGL SFSCGAGPFH SFLWCFFIKR KKKSHQCGSP PPHCPHSWVL PDCWHSLEEI 60
LDGRFRGGEK WHCLMQLCKQ EKPCRSSKHC CPLGQPPGQA RAHTSRLGLR LGTRWL

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MEAKKAQGSM NGLGRGTRPC LCLRSPTTA DQMETMGKQS FPVPSFPSPD STKRWKAEGL 60
ISQGRVLPAF LPLNFTLPYL WLWKESHNLN NQTSQYQ

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

5 RHELPWDLGF SGRCDDQNKG RSRRARGSGG GVFRGAHLPG AAGQPEPHRA ALASRRLTRK 60
LYKCIKKAVK QKQIRRGVKE VQKFVNKGKEK GIMVLAGDTL PIEVYCHLPV MCEDRNL PYV120
YIPSKTDLGA AAGPSAPPV

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

WSSPMRSTRR LTMSAWRRCS PCPYPYEGLR

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

50

HLGTCRWKLL GWQQDDWLSS CPPTLTASSQ FPKARLLPRQ L

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

5 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

20 QPFHEGNASL LSISAISCRT KGCSKNVGWG K

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1663 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142:

5 GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC120
 GGTGTGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGT GGCGTCTGCG CTCGGTTGA180
 GGGCTCGCG CGGGGTTTCC TGTTCCCTCT TCTGCGCGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC240
 TGACCCAGCC CCCAGTGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT300
 GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT360
 TGAGACAGAA ATCAAGAACAA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA420
 TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAAACG GGCTATACGG TGAAAATCAG480
 TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT540
 10 TCATCAAGTT CCCACGTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTACA GAGAGGTCT TTGATCTTT600
 GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAACTCT TGAAACCCAT660
 CTCTGTGGAA GGCAGTTCAA AAAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA720
 GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA780
 AGAGAAGGCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA840
 15 GAAAATTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAAC ATTAAATAAG CCTGGGTGGA900
 ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTGA GACTTTAAAG TCGTTTGGG960
 AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
 ATATAAAATT GACAGATAGC TATTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA1080
 20 TTTCCTACTG GAGGATTAT TTAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
 TTTTATTAGT ACCCCTGGTCA TTTTGTTCAA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA1200
 TATAAAAAGC AAGTCTTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTT TGTCAGCTA1260
 AGAATTGGAA AAGTATTGTC TTGCCTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTAA1320
 25 AAATTGAGTA AAACCTGAAAG TTTGATCAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT1380
 GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
 TGCACTAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTTAAA TATATTGTC AATGAATGTG1500
 GAATAGAAAA TCTAAACATG ACAATAATAG ACATATCTT GTATGGTACC AGTTAGTTT1560
 GCCGTGGATC AGATGGTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAAG CAAAAAATAA TTGAAAGCC1620
 CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTCTTCAT TAA

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

35

- (A) LÄNGE: 312 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

50

VGGARLGGIC VLAVGGGGC LAKVRDPSRA GGGPRSCAGS VWAQAAAPRL VRVGVCARFE 60
 GSARGFLFLL LRGCSSGLRP DPAPMASEEL QKDLEEVKVL LEKATRKVR DALTAEKS 120

5 ETEIKNKMQQ KSQKKAELLD NEKPAAVVAP ITTGYTVKIS NYGWDQSDKF VKIYITLTGV180
 HQVPTENVQV HFTERSFDLL VKNLNGKSYS MIVNNLLKPI SVEGSSKKVK TDTVLILCRK240
 KVENTRWDYL TQVEKECKEK EKPSYDTETD PSEGLMNVLK KIYEDGDDDM KRTINKAWVE300
 SREKQAKGDT EF

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144:

CAGGACTTCA	TCGGCGGAGA	GCCCACCCCC	GGCCGCTACT	GCCACGGAGG	CTTTGGGGTG	60
CTGCTGTCGC	GCATGCTGCT	GCAACAAC TG	CGCCCCCACC	TGGAAGGCTG	CCGCAACGAC	120
ATCGTCAGTG	CGCGCCCTGA	CGAGTGGCTG	GGTCGCTGCA	TTCTCGATGC	CACCGGGGTG	180
GGCTGCACTG	GTGACCACGA	GGGGGTGCAC	TATAGCCATC	TGGAGCTGAG	CCCTGGGGAG	240
CCAGTGCAGG	AGGGGGACCC	TCATTTCCGA	AGTGCCCTGA	CAGCCCACCC	TGTGCGTGAC	300
CCTGTGCACA	TGTACCAAGCT	GCACAAAGCT	TTCGCCCGAG	CTGAACCTGGA	ACGCACGTAC	360
CAGGAGATCC	AGGAGTTACA	GTGGGAGATC	CAGAATACCA	GCCATCTGGC	CGTTGATGGG	420
GACCGGGCAG	CTGCTTGGCC	CGTGGGTATT	CCAGCACCAT	CCCGCCCGGC	CTCCCGCTTT	480
GAGGTGCTGC	GCTGGGACTA	CTTCACGGAG	CAGCATGCTT	TCTCTGCGC	CGATGGCTCA	540
CCCCGCTGCC	CACTGCGTGG	GGCTGACCGG	GCTGATGTGG	CCGATGTTCT	GGGGACAGCT	600
CTAGAGGAGC	TGAACCGCCG	CTACCACCCG	GCCTTGCGGC	TCCAGAAGCA	GCAGCTGGTG	660
AATGGCTACC	GACGCTTGA	TCCGGCCCGG	GGTATGGAAT	ACACGCTGGA	CTTGCAGCTG	720
GAGGCACTGA	CCCCCCCAGGG	AGGCCGCGCG	CCCCTCACTC	GCCGAGTGC	GCTGCTCCGG	780
45: CCGCTGAGCC	GGCGTGGAGAT	CTTGCCTGTG	CCCTATGTCA	CTGAGGCCTC	ACGTCTCACT	840
GTGCTGCTGC	CTCTAGCTGC	GGCTGAGCGT	GACCTGGCCC	CTGGCTTCTT	GGAGGCCTTT	900
GCCACTGCAG	CACTGGAGCC	TGGTGTGCT	GCGGCAGCCC	TGACCCCTGCT	GCTACTGTAT	960
GAGCCGCGCC	AGGCCAGCG	CGTGGCCCAT	GCAGATGTCT	TCGCACCTGT	CAAGGCCAT	1020
GTGGCAGAGC	TGGAGCGCG	TTTCCCCGGT	GCCCGGGTGC	CATGGCTCAG	TGTGCAGACA	1080
50: GCCGCACCCCT	CACCACTACG	CCTCATGGAT	CTACTCTCCA	AGAACGACCC	GCTGGACACA	1140
CTGTTCCCTGC	TGGCCGGGCC	AGACACGGTG	CTCACGCCCTG	ACTTCCCTGAA	CCGCTGCCGC	1200
ATGCATGCCA	TCTCCGGCTG	GCAGGCCTTC	TTTCCCCATGC	ATTTCCAAGC	CTTCCACCCA	1260
GCTGTGGCCC	CACCACAAGG	GCCTGGGGCC	CCAGAGCTGG	GCCGTGACAC	TGGCCGCTTT	1320

GATGCCAGG CAGCCAGCGA GGCCTGCTTC TACAACCTCG ACTACGTGGC AGCCCGTGGG1380
 CGCCTGGCGG CAGCCTCAGA ACAAGAAGAG GAGCTGCTGG AGAGCCTGGA TGTGTACGAG1440
 CTGTTCCCTCC ACTTCTCCAG TCTGCATGTG CTGCGGGCGG TGGAGCCGGC GCTGCTGCAG1500
 CGCTACCGGG CCCAGACGTG CAGCGCGAGG CTCAGTGGAG ACCTGTACCA CCGCTGCCTC1560
 5 CAGAGCGTGC TTGAGGGCCT CGGCTCCCGA ACCCAGCTGG CCATGCTACT CTTTGAAACAG1620
 GAGCAGGGCA ACAGCACCTG ACCCCCACCCCT GTCCCCGTGG GCCGTGGCAT GGCCACACCC1680
 CACCCCACTT CTCCCCAAA ACCAGAGCCA CCTGCCAGCC TCGCTGGGCA GGGCTGGCCG1740
 TAGCCAGACC CCAAGCTGGC CCACTGGTCC CCTCTCTGGC TCTGTGGGTC CCTGGGCTCT1800
 GGACAAGCAC TGGGGGACGT GCCCCCAGAG CCACCCACTT CTCATCCCAA ACCCAGTTTC1860
 10 CCTGCCCCCT GACGCTGCTG ATTCTGGGCTG TGGCCTCCAC GTATTATGC AGTACAGTCT1920
 GCCTGACGCC AGCCCTGCCT CTGGGCCCTG GGGGCTGGGC TGTAGAAGAG TTGTTGGGGA1980
 AGGAGGGAGC TGAGGAGGGG GCATCTCCCA ACTTCTCCCT TTTGGACCCCT GCCGAAGCTC2040
 CCTGCCTTTA ATAAACTGGC CAAGTGTGGA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA2100
 AAAAAA 2105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 1125 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145:

CGGGCGGGCCC ACCCCAGATC TCCTGCACGT TGTGGGGCCC TCGGGCGACG CGGTTAGCTG 60
 GCGGTGCAGG GCCTCGGCAC GGGTCAGCAC GTCCCTCCACG CTCAGCTTCA TAGTCAGCTC 120
 GTTGATGTGC TTGAGGGATCT CATTGGAGCC GAAGCCGGAC AGCATGAGGG TGTCCCTCTC 180
 45 CATGTCCAGG ATGGCGCAGG CCACCGACGAG GTGCAGATTG GGGCCAGGGA GCCCTGTCCA 240
 CAGCACCTCC CACAGCGAA GGACATCCGG GAAGGGGAAT TCCCTCTTGA ACCAGATGAG 300
 CAGCCACCGG AAACAGAAGC AGAGAGAGCC GGAGTCCTGG GAATCCAGGA AGTCGCAGAG 360
 CAGGGGGTCC AGCACCCCTCC GGAGCAGCAG CAGTCGCCCG AGTTGCCGCT TCATGGTCTC 420
 CTGGCTCTCT TCAAAGCTCG AGCCGCTCGA GCCGAATTG GCTCGAGAAA CCAGCTGCT 480
 50 CCTGGAGCTT CCCTGGACTC AACTTCCTAA AGGCATGTGA GGAAGGGTA GATTCCACAA 540
 TCTAATCCGG GGGCCATCAG AGTAGAGGGGA GTAGAGAATG GATGTTGGGT AGGCCATCAA 600
 TAAGGTCCAT TCTGCGCAGT ATCTCAACTG CCGTTCAACA ATCGCAAGAG GAAGGTGGAG 660
 CAGGTTTCTT CATCTTACAG TTGAGAAAAC AGAGACTCAG AAGGGCTCT TAGTTCATGT 720
 TTCCCTTAGC GCCTCAGTGA TTTTTCTAGG GTGGCTTAGG CCAAAAGAAA TATCTAACCA 780

TTCAATTAT AAATAATTAG GTCCCCAACG AATTAAATAT TATGTCCTAC CAACTTATTA 840
 GCTGCTTGAA AAATATAATA CACATAAATA AAAAAATATA TTTTCAGTT CTATTCAGT 900
 GTTAATGAGA ACTACTTACT AAGGAGATGT ATGCACCTAT TGGGACAGTG TGCAAGTTCT 960
 5 TCAGCTGGGA TTGAGGGTGG GCAATGCTGC CCCTCAATT CTGCTCCAG GTGGGTGGTT1020
 CCATATGGTA CTTGAGTTT TATCAGAGGG CCTGGGAAA CCCCAGTCTC ACAAAATAT1080
 TGAAATTATC AGAAGGGTTA TAGTGGCAAT CTTATGTTGA AAGGA 1125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146:

TCGGCACTGG GGGGCAGGGG TCGATCGGCT CAACTATGAA GATCACTGCT TCAGCGGGCA 60
 CGCCACCATG CACGCCGAGA ACCTGTGGCC GGGCGGGCTG TCCTCCGTCC AGCAGATCCT 120
 35 GCAGCTCTCT GACCTGTGGA GGCTGACCCCT CCAGAAGCGT GGCTGCAAGG GGCTGGTGAA 180
 GGTGGGTGCC CCAGGCATCC TGCAGGGGAT GGTGCTCAGC TTTGGGGGGC TGCAGTCAC 240
 AGAGAACACAC CTCCAGTTCC AGGCCGACCC CGACGTGCTG CACAACAGCT ATGCATTGCA 300
 TGGCATCCGC TACAAGAACG ACCATATCAA CCTGGCCGTG CTGGCGGATG CCGAGGGCAA 360
 GCCCTACCTA CACGTGTCCG TGGAGTCCCG TGGCCAGCCT GTCAAGATCT ATGCCTGCAA 420
 40 GGCAGGCTGC CTGGACGGAGC CAGTGGAGCT GACCTCGGCC CCCACGGGCC ACACCTTCTC 480
 GGTCACTGGTG ACACAGCCCA TCACGCCACT GCTCTACATC TCCACCGGACC TCACACACCT 540
 GCAGGACCTG CGGCACACGC TGCACCTCAA GGCCATCCTG GCCCATGATG AGCACATGGC 600
 CCAGCAGGAC CCCGGGCTGC CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCCCT 660
 CTTCCACCTC TTCCTCTTCA AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCCTG GAGCCAAGCC 720
 45 CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTCAGCC 780
 ACCATTTGCA CAAGACACCC AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG 840
 GAAGCACCCCG CCCTTTGTGC CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT 900
 ACACCAGAGT TTGCATGGA AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAAGGG GCCAGTGGAC 960
 CTTTGTAAG CTTTCCACTC AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC 1020
 50 CACTCCTTCC ACTTTCCCCC TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC 1080
 TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT GTCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTCT TAATGAAGTT 1140
 TTAATTATT TTTGTTGAGA TTTTGCTAGA TGGCTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT 1200
 GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT CGGCCTTCGG AGGCCCAACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG 1260

CCCCCCAGGG TGGCTGTGCT GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCCTCGG 1320
 GTTTCACGC CCTTTTTAG GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA 1380
 GGGGAGGTGT TAAACTTCT AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTGAAATA CAAAGCTT 1440
 TTTGTTCTGT TTTAAATAA ATATCTTCA AACTTTCAAA AAAAAAAA 1490

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 1692 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147:

35 TTTTTTTTT TACTAGAAAGT TATTTATGTT TAATGCTTAA AAGTCTGAAT TCACAAACAA 60
 TCTACCATTA TAGAAGTACT GGTGGTCAAT ACAATGCATT AGAACTATGT ACAACGCCACA 120
 GTTTAGTATC AAAATCTTTC TACACTGTAG AGTTTACGA AACTGTTAAT GACATCAAAC 180
 ACTAAGCACT TAAGACACCA TTTTTTCTG CTACCACATT AGGAACGTCA ATGGACAGTC 240
 CATTCAACT TGCAGCATCC ATCCATTGT AGTATGAAAT TAAGTAATT TCTACTTATA 300
 CAATAAAGTA TATCTACACG GTTCTTTGA TTTGATCCA TCGCAGCAAC GGCACGTAC 360
 ATCAGCCTCG AGCCGATTG GCTCGAGCTT GCCTGTGCC TATGTCACTG AGGCCTCACG 420
 TCTCACTGTG CTGCTGCCTC TAGCTGCGGC TGAGCGTGAC CTGGCCCTG GCTTCTTGA 480
 40 GGCCTTGCC ACTGCAGCAC TGGAGCCTGG TGATGCTGCG GCAGCCCTGA CCCTGCTGCT 540
 ACTGTATGAG CCGCGCCAGG CCCAGCGCGT GCCCCATGCA GATGTCTTCG CACCTGTCAA 600
 GGCCCATGTG GCAGAGCTGG AGCGGGCTTT CCCCAGGTGCC CGGGTGCCTAT GGCTCAGTGT 660
 GCAGACAGCC GCACCCCTCAC CACTACGCCCT CATGGATCTA CTCTCCAAGA AGCACCCGCT 720
 GGACACACTG TTCCTGCTGG CGGGGCCAGA CACGGTGCTC ACGCCTGACT TCCTGAACCG 780
 45 CTGCCGCATG CATGCCATCT CGGGCTGGCA GGCCTTCTT CCCATGCATT TCCAAGCCTT 840
 CCACCCAGCT GTGGCCCCAC CACAAGGGCC TGGGCCCCCA GAGCTGGGCC GTGACACTGG 900
 CCGCTTGTAT CGCCAGGCAG CCAGCGAGGC CTGCTTCTAC AACTCCGACT ACGTGGCAGC 960
 CCGTGGGCGC CTGGCGGCAG CCTCAGAACAA AGAACAGGGAG CTGCTGGAGA GCCTGGATGT 1020
 GTACGAGCTG TTCCTCCACT TCTCCAGTCT GCATGTGCTG CGGGCGGTGG AGCCGGCGCT 1080
 50 GCTGCAGCGC TACCGGGCCC AGACGTGCAG CGCGAGGCTC AGTGAGGACC TGTACCAACCG 1140
 CTGCCTCCAG AGCGTGCTTG AGGGCCTCGG CTCCCGAACCA CAGCTGGCCA TGCTACTCTT 1200
 TGAACAGGAG CAGGGCAACA GCACCTGACC CCACCCCTGTC CCCGTGGGCC GTGGCATGGC 1260
 CACACCCAC CCCACTTCTC CCCCCAAAACC AGAGCCACCT GCCAGCCTCG CTGGGCAGGG 1320

5 CTGGCCGTAG CCAGACCCCA AGCTGGCCCA CTGGTCCCCT CTCTGGCTCT GTGGGTCCCT1380
 GGGCTCTGGA CAAGCACTGG GGGACGTGCC CCCAGAGCCA CCCACTTCTC ATCCCAAACC1440
 CAGTTTCCCT GCCCCCTGAC GCTGCTGATT CGGGCTGTGG CCTCCACGTA TTTATGCAGT1500
 ACAGTCTGCC TGACGCCAGC CCTGCCTCTG GGCCCTGGGG GCTGGGCTGT AGAAGAGTTG1560
 TTGGGGAAGG AGGGAGCTGA GGAGGGGGCA TCTCCCAACT TCTCCCTTT GGACCCTGCC1620
 10 GAAGCTCCCT GCCTTAATA AACTGGCCAA GTGTGGAAAA AAAAAAAA1680 AAAAAAAA1680
 AAAAAAAA AA 1692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148:

35 CTACGACCCG ATTGGCTTCG GGCTCAGCTG GGAGGGGGGA CGAATTATTG GTTGGGGAA 60
 ACCCACGAGG GGACGGGGCC GAGGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG GGAGTGAGGT120
 ACCAGATTCA GCCCCATTGG CCCCAGGCC TCTGTTCTCG GAATCCGGGT GCTGCGGATT180
 GAGGTCCCGG TTCCCTAACGG ACTGCAAGAT GGAGGAAGGC GGGAACCTAG GAGGCCTGAT240
 TAAGATGGTC CATCTACTGG TCTTGTCAAGG TGCCCTGGGGC ATGCAAATGT GGGTGACCTT300
 40 CGTCTCAGGC TTCCCTGCTT TCCGAAGCCT TCCCCGACAT ACCTTCGGAC TAGTGCAGAG360
 CAAACTCTTC CCCTTCTACT TCCACATCTC CATGGGCTGT GCCTTCATCA ACCTCTGCAT420
 CTTGGCTTCA CAGCATGCTT GGGCTCAGCT CACATTCTGG GAGGCCAGCC AGCTTACCT480
 GCTGTTCTG AGCCTTACGC TGGCCACTGT CAACGCCCGC TGGCTGGAAC CCCGCACAC540
 AGCTGCCATG TGGGCCCTGC AAACCGTGGAA GAAGGGAGCGA GGCCTGGGTG GGGAGGTACC600
 45 AGGCAGCCAC CAGGGTCCCG ATCCCTACCG CCAGCTGCAG GAGAAGGAGCC CCAAGTACAG660
 TGCTCTCCGC CAGAATTCTC TCCGCTACCA TGGGCTGTCC TCTCTTGCA ATCTGGGCTG720
 CGTCCTGAGC AATGGGCTCT GTCTCGCTGG CCTTGCCCTG GAAATAAGGA GCCTCTAGCA780
 TGGGCCCTGC ATGCTAATAA ATGCTTCTTC AGAAAAAAA AAAAAAAA AAGGGGAGAA840
 AGAAAAAGGA AAAGGCGAGA GGAGCG 866

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

ATTTCTACTT CTCTCCAAGC GTCCAATTAA TAATAACATG TGCATCTTGT TTTCCCTGCC 60
AAACTAAATT TCGTGAGGGG GTACATACTG CACAGTTTT TTTGTCACAT ACTGCTTATG120
ACACATGAAT ATGCAGAGCT TGTCAAGCTC TTTAATTAAAG TTTAAAATGC TAATTGAGTG180
30 AATCAAAACT TAACCATTAT GGTTAGGCTA AAAATGTCAG CTTGTGTTA TATAGTGCTT240
ACCTCAGTAT TGGAAATGCC ATGAGTTAG TATCAGAAGG ACATTATTAC TAGTGCATT300
TAAAGTGATA CCAGTCATAG TTGCAAAAGA AAGTACACAA TGGGAAATGG AAAGAGAAATG360
TAGGGAATCA AAACAACTAG TTTTTCTT TATAACGGAA GTTTTATAAT TCATCTTTA420
TGTAAGTGTAA TTCTCATTAA AAAATACCCCT AAAGCTTAAA GTTTGCAAGG CTGCCAGGCC480
35 TAACCCACAA CAGTTGATG CTGCCCTCTA GCGTTTGATT CCCTTCACCT TTTGCTAAAA540
TAAGGTAATG TTTAAATTAC AATTAGATTT ACTTACTGCT GTAAATCTGG TCTATTTAG600
TTCCCTCTGG GTAGTTAGTG TTGCTAATAA GATGGACGTA AGTGTGTTTG AACTGGTCAA660
TTCTGATTGC TTTTAGCCCC CAGTTTCCA AATAGGGGTG AATTCTGGGT AGAGATAGAA720
40 CAATCACCAA GTTACCTTGC TCCAAAAAAAG AAATTTACGT ATGGGATTGT TTTCAAAGCG780
GGAAGTTAGC TGTGTAATA ACAACAATT TATATATTAA ATCTGGGCTT CTCCTTATCT840
TGAATGATAT AAAAATCTAC TTTCTAGATT AATTTAGTTC CATATAACCT TGTATTGCTT900
TGACTGTACT GATAATAAAG TTTGAAAGTG TAAATTTAA AAAAGAAAAA AAGAGGCAAA960
AGGAAAGACA AGAAAGGGAC CCGGGAGGGA TC 992

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

20	GGTCGGGGC GGAAAGTGGG TCAGGGCCGG GCCGGCGGAC GCGCAGGGGG GGCTGCAGAT 60
	TCTTCCACC ATGCCAGAC GCCCCCCGAA CAGCAGGGCC TGGCACTTCG TCCTGAGTGC 120
	AGCCCGCCGA GACGCAGATG CCCGGGCCGT GGCTCTAGCA GGCTCCACTA ACTGGGGCTA 180
	CGACTCTGAT GGGCAGCACA GCGACTCGGA CTCCGACCCC GAGTACTCCA CGCTGCCGCC 240
	ATCCATCCCC AGTGGGGTGC CCGTGACCCGG CGAGTCCTTC TGTGACTGTG CTGGGCAGAG 300
	CGAGGCCTCC TTCTGTAGCA GCCTGCACTC GGCCCACCGG GGCAGGGACT GCCGCTGCAG 360
25	AGAGGAAGAC GAGTGTGAGC GTGGGGCCCA GCCCCTGCTG GGACTGCACT GCGGGCGGGC 420
	CTGGGGGTGG GCAGGGCAGA GCCCCATGGA GCTCTCAGGG CTGCCCCAGC CTGGGCCTCT 480
	CTTGCAGATT TCGACTGGGT CTGGGATGAC TAAATAAGT CATCAGCCAC CCTGCTGAGC 540
	TGTGACAACC GTAAGGTCAG CTTCCACATG GAGTACAGCT GCGGCACAGC GGCCATCCGG 600
	GGCACCAAGG AGCTGGGGGA GGGCCAGCAC TTCTGGGAGA TCAAGATGAC CTCTCCCCTC 660
30	TACGGCACCG ACATGATGGT GGGCATCGGG ACGTCGGATG TGGACCTGGA CAAATACCGC 720
	CACACGTTCT GCAGCTGCT GGGCAGGGAT GAGGACAGCT GGGGCTCTC CTACACGGGC 780
	CTCCTCCACC ACAAGGGCGA CAAGACCAGC TTCTCGTCGC GGTTGGGCCA GGGCTCCATC 840
	ATTGGCGTGC ACCTGGACAC CTGGCACGGC ACACTCACCT TTTTCAAGAA CAGGAAGTGT 900
	ATAGGTGTGG CAGCCACCAA GCTGCAGAAC AAGAGATTCT ACCCGATGGT GTGCTCCACG 960
35	GCAGCCCAGGA GCAGCATGAA GGTACCCCGC TCCTGTGCCA GCGCCACTTC CCTCCAGTAC1020
	CTGTGCTGCC ACCGCCTGCG CCAGTGCAGG CAGACTCGGG AGACACGCTG GAGGGTCTGC1080
	CGCTGCCGCC GGGCCTCAAG CAGGTGCTAC ACAACAAGCT GGGCTGGGTC CTGAGCATGA1140
	GTTGCAGCCG CCGCAAGGTC CAGTGTCCGA TCCCCAGGCA GCGACCTCCG CCCACCCAG1200
	CAGTCGCGAG CCTCGGCCCT GCCAGAGGAA GCGCTGCCGC CGGACCTGAC TGACTTCCA1260
40	GTGGAACTGTC CTTCTTGGGC TGGGACAGGC CTTTCCTCTG TCCCTTCTT CTCTGTCCCT1320
	TCCTTCCAGC CACACTCCAG GGGGGAGTTG GATGAGGGCCC GTCCGGAGGG AGCCATCTCT1380
	TGCTCCCGAG GCTGGGACAG TCCTTTCTGT GGGGGCTCTA GGGCCCTCT GCTGCTGTGC1440
	TGGGTGGGGGA AGCGGCTGCC CTGAGCCCCA GGTCTTGTGG GAGGCTGCGA GGACGAGAGC1500
	CTGGCTGGAG CCCCGCTTGC TTGTTCCCACA GGGCCTCGGT TTTCTTAAC TTGCTCTGCA1560
45	TGCTGTCAGC GGCTGCCCG CCGTCATAGA CTTAAAGGAC TGCAATAAT GTAGAGTTGA1620
	TGTCTAACAC CCAAAAAAAA 1640

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:974 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

20 GCACGCTATG CTAGCCACAC TTCCGGCAAG AGCAGCTAGA ATCGTTCCGG TGCATATTGA 60
ATAGGCGCAG AAAGGGAGAA AAAGATTCTA CAGCCCTGGC CACAGTACTT TGGTGACACT120
TTTCGTGGGG CTCTCTGGAG GACTTTCCG AAGGCAGATG GAGAAAACCTT CGTGAAACCC180
ACTCCTTGCT ATAAAGGAA ATGTTGTGGA ATATAATTGG ACTTAGGTTT TGCAGAGCTT240
GAGCATGGCC TTTTGTCTT CCCACCTTCT GGTTCTGAA GACATTGCGG GTGACCTGGC300
CCCAGACTAA CACAAGGCAGG GCGTATAACCG TCAGCCTGCC TGGCGTCCCC TTGCCTCAGC360
ACACACAGAG ACCTCTTGCA AGATGCTCT CTGCCGCCAT AGGCTGGAGG TTCCCCGGGA420
ACTTTTCCCT TCCTTCCTAG CTGAGGAAGA TCCCTCACTT CCGCTCGCCG CGCCACCGGT480
CCCACCTCCC CGCCCCCCCAGC TGGGTCTCTAG CGCCGGCCCC TGTTGGCAG GGTCCGGGCT540
30 CCGTCGGTGC GAGGAGCCGA CGCCGACGCC ACGGAGTCAG CACAAGTCTC ATCAGAGAAA600
CCCCGTTCAC CAAGGCCATG GAAGTGGAGG CTGCAGAGGC CCGGTCCCCA GCCCCCCGGCT660
ACAAGCGCTC GGGCCGCCGC TACAAGTGCC TGTCTGTAC CAAGACATT CCAAACGCGC720
CCAGGGGAGC GCGCCACGCT GCCACACATG GGCCGGCAGA CTGCTCTGAA GAGGTGGCCG780
AGGTGAAGGCC AAAGCCAGAG ACAGAACGTA AGGCAGAGGA AGCCAGTGGG GAGAAGGTGT840
35 CAGCGTCCGG CGCCAAGCCT AGGCCCTATC GGTGTCCGCT ATGCCCAAG GCCTACAAGA900
CGGCACCCGA CGTGCAGCAGC CACCGGGCAGA GCCACACGGG GGAGAAGGCC TTTCCGTGCC960
CCGAGTGCAGC CGCG 974

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1059 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152:

GTGGGATGAC CGCGTGTATA GGACTCTAG GCTTTATCC TAGATCACCA CTGGATTGCT 60
GACAGATAGA GGACGTGGGA CCGTGAAT CACCCCTAAT CTGCAGTGGA TTTGGCTCTC 120
GGCACTCCC GGCTGGGAGC TGGATACCTG CCCTGGCAGC ATGACTCAGA CTGCATCACA 180
15 GTCACAGACT CGCCTCTGCT CCTGTGGTCC AGTGGCCGGA CACCCCTGG GATGGCTCAA 240
AGGAGTCAGG ACTTGAAGT GGGGACATCA GGGTAGCTGA AGGAAATCCA CACACCCAGA 300
GCATCTCGGA GTTCAGACTC TCAGACCTGA AGTAGGCGCC CCCGGACTG GGCTAGGAGT 360
TGGACGGAAT GGAGGATGGA GGACAGCGAG AAGAAAGGAA GAGAAATGCA AAGTGTGGC 420
20 AGCCGCCAAG AGTGAAATA GAGGGAAAGTG TCATGCAAGT GCTGGACAGA AGGCAGCAGG 480
TGGGACGAGC CCCACAGCCC CCTCCTCAAA AACGACCACC TCCAGGACTC AGTGATCCCT 540
GGGGGGCAGG CTCTGCCAGC CCTCGGCCAC ACGTGGCTCC GGCACCCATG GTCCCAGTGC 600
CTTGGATGGA GACGGCCAGT TCTGGCGGCC AGATGTGGTG CTCTGGAATC CAGTCCCATT 660
25 TCCTTCCTGG CCACGCCGT CCAGCGGCCCT CTTCAGCCGC ATTCAAGCCCC TACTTACCTG 720
GGGACCCCGG CTGGGGCACG AGAGTACCAAG GGGGGTAGGG CCCAAAGGGA TCAGGGGAAG 780
CCTCTGGCCT GGAGGGTATG GGGCACGCTT CCCCCAAGGGC GGACCCGGCA GGAGGAAGCC 840
CAGGAGCTGG GTCCCTGCCGC CCAGGAGCTG GGCCCTGCCA CCCAGGCCGG GCTAGGGACA 900
TGGCAGGGCC TGGGCATCCT GACGCTGGAC TTGGGCGACC TGGGAGGCAC AGGGAGGGGA 960
30 GAGATGGGCG GGCCCGCCCC AGCGCAGTGC CGGCCACACC CATGCACCGA AGCTCCTCCC 1020
TGCCACGCCCAAGGCAGTT GCCGGAGCTT ACCGGGGGT 1059

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

5	GAGAGATCTG	AAATAACCTT	TCCCAGTGGG	CAGGGTTGCC	AGGGTTGAGG	GGACAGCACA	60
	TACCACCCCC	ACCCAACCTG	TTCGAGGGGC	CCTGCATGGC	ACGGGATGAG	TCCCTGCCCT	120
	GTGCAGCTGC	CTGGCAGTGG	CTGGGACAAG	GATCTTGCAG	CCAGCACAGA	GGCCTCTTCA	180
	AAGGCCTCTC	CCTCTGGCA	CTCCAGGCAG	GGCAGGTGCC	CGCTTCCCCA	ACACCTCCAG	240
	GCAGTGACCC	TAGGGCATGC	CCCAGCAGGT	CTCCGAGCAG	CCACTGGGAC	CCGTCTCAGC	300
10	ACATCCTGGC	CTTTGAAAGT	CTGATATCCT	GAGAGGAGGG	CAGGTTTAG	GGCCGCAGTT	360
	CCAGCCAGCG	TCCCCAGCCT	GGCTTCCCTG	CCATGGACTC	AGTAGCTCGT	GGGGCTTCTT	420
	ACCACCCACC	AGCCCCGCTG	GGGTGCGGGC	TGGCTGTGGG	CAAAGGAGGA	CTTGCCTGGA	480
	GATTGAGAG	AAGATTCCTT	CTACCAGGGC	TGCTGAGGGG	CCAGGCCTGC	ATCAGGGCT	540
	AGGCTCTGGC	TGGGCCCCGA	GGCTGAGACT	AAGGCTTCG	ACCCTGGTGC	CTCCATGTGG	600
	ATGCTGCCTC	AGACAAAGGC	AGTGAGCCTT	CCCTGCCAAA	GTGCCCATCC	CATGGGCTCG	660
15	GCCTCACTGG	TCACTGTTAG	CCCATGAACA	CGTGTGGGCC	TCGGTCACGT	GGCTTGAGG	720
	GCAGTCTGAC	CAGGCTAGAC	CACACGTGCC	GTGACAGGGG	GTGCCATTCC	CCTCGCAGGC	780
	TCTAATGTGC	CCACATGTAG	CCTGGCAGTC	CAAAGACCAA	GAATCAACTT	GCAAATCTGC	840
	CATTAAACTG	CTGTGCGACT	TCAGGCATAT	CACTGCCCTC	TCTGGGCTTC	AGTGTCTTT	900
	TCATACCTAG	AAAGTCTGCGG	TCTGAGGCTC	TTTGGTTCA	GACACACTGT	TCTAGGCTTC	960
20	TGTAGGGGAC	CTTGTGATCT	GCCGTGCCCT	TCCTCCCTGT	TCTTTCTGT	CCTCCCCACC	1020
	CCACCCTCAG	AAGCTGTTG	CTCTGCCCTC	AGGACAGGAG	CTTGACGGAT	GAAGTGCAGC	1080
	CAGCCACCCA	GGTGCATTT	CCAGTCTGAC	TTCCAGAAAT	GTGCACCATG	TCCTAGAGCA	1140
	CAGACCCATT	GGCTGGAGCC	TCCTGGGAGG	GTTCAAACCA	TCAGCTCTAT	GAGAAATGCC	1200
	CAGAAAGGCT	TTGCCGACTC	CATCCGTCTG	TGGAGGCTGC	CTGCCTCCGG	GGTGGGATGG	1260
25	GTGGTTCTC	CTCCAATTCA	GACCCAAGAG	GTAGCCCCCG	AGGGCATGTA	CCTGGTGGGA	1320
	AGCAGCTCAG	GTACCCCTGG	GGGTTGCAAGG	GCCCTTACGC	AGGTATTCT	CTCTCTCTCC	1380
	TCTCTGGGT	GCCTGTGTGC	GTGCGCGTGT	GCCTGCCTAT	GCTTTCTCT	GTGGGCACAT	1440
	CAGGATGCC	CTCGGAGAGC	ATGTGCACGT	GTCCCCACCT	GAGCGAGCGT	GTGTGTGTGC	1500
	TCCTCTGCGT	CCCAGGTTG	GACGTCTAGG	GTTGGTGTG	CCTGTCTTCT	GCCCTCCCTG	1560
30	AGCCCCACAGG	GTCAGTCAAT	GTATCTCTA	CGTGCCTCTC	CCTCTGCCCT	CTCTCACAGT	1620
	GCCCCCGGCT	CCAGAGCTA	GGGGTAGGGG	TTCTCCTGAG	GGTGCAGGGG	ATCCTCTCA	1680
	TCTCCCTGGAC	CCTCCAGGGC	ACTCTGGTCC	CTATTCCCCA	GCTCCTAGGC	AGCTGAGCCG	1740
	GGTCCCTTAG	GGGAGGTGAC	CAGGAGCTT	GGTGCAGGGG	GCTCTGGTG	GGGCAAAGGG	1800
	CTGGACCCCT	GCCAGGTCTG	TGGACATGGT	TATATGCCCG	GGAGAGGGGG	GTGCAGGGCC	1860
35	CCAGGGATGG	CCCCCAATCC	CACCTCTGTT	TATTCTGTAA	ACTGCAACCT	ATAAATAACC	1920
	TTTAGCATT	CTATTGTAAC	AAAATTAAATT	TTTATGAAAT	AAATTATATT	TCCTAGTCTA	1980
	ATAAAAAAA	AAAAAAA	AAA				2003

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1130 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

10	TATTTTTTT TTTACTGATA TATTGTAGTT TAATAAAACA TAGTTTATAC AGTCATTGA	60
	AAAAGTATTT TAATACAAAC ACCACTTATA CACAAAACCA AATGTTGATA TTCTTGT	120
	TTAAAATTCT TGATTTCTCT AAAACACTAA GATGCTATCT CAATAGAGAT TGCTTCACAT	180
	TTTCCAGTTT CTTGATCTGT GCATGTCACA TGTAAGATC CATCCCTTT CATAGTAAGA	240
15	ACAGCTAATA TATCACGTAA TCCATTTCT TTTTATCTA AATCCTGGAG TACAACCTGT	300
	GCAAAATTGG TTTCCCTCTT GGCAGAGTTC TTCCCATCAG ACTCATAGAG TTCAAGGCAC	360
	ACTGAAGATA TGCTTCCAGG GGCTTGCAAT GTGTGTTGTC TTCGAGCTGG CAAAGGAGTC	420
	CCTGATGGAA ACAGCACTGT GAATCTACTG GCTCCTGATT CGTCCACACC CTTAACTAAA	480
	ATATCTCTGG CTGAACACTC TATCATAAGA GAGCTTCCA CCAACAGGTT TTCTTCCC	540
20	ATAAGAATTCTGCTTCTAT AGCTGCACCA ATAGGGATCA TTTCATCAGG AGGGATAGAA	600
	TTGAGAAGCT CAACAGCTGG GAAAAGATCT TTAATCAGTT GCTGTAGCTT TGGGATTCGA	660
	GAAGACCCCTC CACAAAGGAC AACCTTGTG ATATCATCTG CTGTAATCC ATTTTGATCT	720
	AAGAGTCCTC TGATTGCTTC TATACACTTA TTAAAAAGTG GAGAACAAAG AAGTTCAAAT	780
	CTTGCTCTGG ACACATTGCA ATCAAAATCT TGACCTTCAT ATAATGAGTC AAGAAAACAG	840
25	TTGGCACTTC CCAAGGTGAA CAAAGAATGT TTCGCTACTT CAGCACTGTT CGTTAATTTC	900
	ATCATGGCTC GCGCATTTC TCTCACATCA TGTTGAGG ATCTTGAA CTCAGAAGCT	960
	AGATACTGTG CTAAGGTTTC TGTGAAATGT GCACCACCGA TGTTATCAGT AGTGTGTT	1020
	GAAAGAACCC GATATATTCC ACTGTTAACT TCCATGACGC TGAGAGATAA GGATGTTCC	1080
	CCAAGCTAA ACACCAAAAT ATTGCTTTT CCAGTAGGGG AGTCTTGTCC	1130

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 5779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

TTGCGGGAAA GAGCCAAACC CTGGCGTTGG GGGGCCCGGG CGGGGAGCCC CTCCCGCGGT 60
 CCACAGCGAC GCCTGCCAG CCCTCCTCCC CTTCCGGCTC CGGCACGGGG CCCCAGGCG 120
 5 TTCGGAGGCC AGGCAGGGTT CTGTCAGGCC CGGGGAGGAG GGGCAGGCC GGCAGGCC 180
 GCCTCCCGG GACGGGCCGT ACCACGCCA CGGGGAGGAC GGGGCCAGGG GACTGCAGGG 240
 CGGCTGCACC GCCCCGGGGC GGGGTGCGGA CGGGCCGGCG GGCTCCCGG GGCAGGCC 300
 GAGGGCGGGG CGTGGGCCGG ACAGAACAC CGGGGCCGGG TGGGAGGTA CGGGACGGC 360
 GCGACCATGG CGCGGTGAGG GAGCGGGGGT GGGGATCGGT CGGGGGGAGG CCTGAGGCC 420
 10 CTGGCTTGTG CGCTGTCCTCC GCGCCCCCCC TCTTCGCCG CGCCGCCGC CGCCCCGGC 480
 ATGTCGTCGA ACTGCACCCAG CACCAAGGCC GTGGCGGTGG CGCCGCTCAG CGCCAGCAAG 540
 ACCAAGACCA AGAAGAAGCA TTTCGTGTG CAGAAAGTGA AGCTATTCCG GGCCAGCGAG 600
 CCGATCCTCA GCGTCCTGAT GTGGGGGGTG AACACACGA TCAATGAGCT GAGCAATGTT 660
 CCTGTTCTG TCATGCTAAT GCCAGATGAC TTCAAAGCCT ACAGCAAGAT CAAGGTGGAC 720
 15 AATCATCTCT TCAATAAGGA GAAACCTGCC AGCCGCTTTA AGTTTAAGGA GTATTGCC 780
 ATGGTGTTC GAAACCTTCG GGAGAGGTTT GGAATTGATG ATCAGGATTA CCAGAATTCA 840
 GTGACCGCA GCGCCCCCAT CAACAGTGAC AGCCAGGGTC GGTGTGGCAC GCGGGAGATG 900
 ACCACCTACG ACCGGCGCTT TGTCTCAAG ACTGTGTCCA GCGAGGACGT CACGCTTTG 960
 CACAACATCT TAAAGAAATA CCACCAGTTT ATAGTGGAGT GTCATGGCAA CATGGTGGTT 1020
 20 CCACAGTTCC TGGGCATGTA CCGCCTGACC GTGGATGGTG TGGAAACCTA CATGGTGGTT 1080
 ACCAGGAACG TGTTCAGCCA TCGGCTCACT GTGCATCGCA AGTATGACCT CAAGGGTTCT 1140
 ACGGTTGCCA GAGAAGCGAG CGACAAGGAG AAGGCCAAGG ACTTGCCAA ATTCAAAGAC 1200
 AATGACTTCC TCAATGAAGG GCAGAAGCTG CATGTGGAG AGGAGAGTAA AAAGAACCTC 1260
 CTGGAGAAAC TGAAGCGGGG CGTTGAGTTT TTGGCACAGC TGAAGATCAT GGACTACAGC 1320
 25 CTGCTGGTGG GCATCCACGA CGTGGACCGG GCAGAGCAGG AGGAGATGGA GGTGGAGGAG 1380
 CGGGCAGAGG ACGAGGAGTG TGAGAATGAT GGGGTGGGTG GCAACCTACT CTGCTCTAT 1440
 GGCACACCTC CGGACAGCCC TGGCACACCTC CTCAGCTTTC CTCGGTTCTT TGGTCTGGG 1500
 GAATTGACCC CCTCTGTTGA CGTCTATGCC ATGAAAAGCC ATGAAAAGTTC CCCAAGAAG 1560
 GAGGTGTATT TCATGGCCAT CATTGATATC CTCACGCCAT ACGATACAAA GAAGAAAGCT 1620
 30 GCACATGCTG CCAAAACGGT GAAACACGGG GCAGGGGCCG AGATCTCGAC TGTGAACCT 1680
 GAGCAGTACT CCAAAACGCTT CAACGAGTTT ATGCCAACA TCCTGACGTA GTTCTCTCT 1740
 ACCTTCAGCC GAGACCGAGA GACTGGATAT GGGTCGGGG ATCAGGGACTT AGGGAGAAGG 1800
 GTGTATTTGG GCTAGATGGG AGGGTGGGAG CGAGATCGGG TTTGGGAGGG CTTTAGCAAT 1860
 GAGACTTGCA GCCTGTGACA CCGAAAGAGA CTTAGCTGA AGAGGAGGG GATGTGCTGT 1920
 35 GTGTGCAACCA GCTCACAGGA TGTAACCCCC CCTTCTGCTT ACCCTTGATT TTTCTCCCC 1980
 ATTTGACACC CAGGTTAAAA AGGGGTTCCC TTTTGGTAC CTTGTAACCT TTTAAGATAC 2040
 CTTGGGGCTA GAGATGACTT CGTGGGTTTA TTTGGGTTT GTTTCTGAAA TTTCATTGCT 2100
 CCAGGGTTGC TATTTATAAT CATATTTCAT CAGCCTACCC ACCCTCCCCA TCTTGTGA 2160
 GCTCTCAGTT CCCTTCATTAAAGAGATAC CCAGTAGACC CAGCACAAAGG GTCCTTCAG 2220
 40 AACCAAGTGC TATGGATGCC AGATTGGAGA GGTAGACAC CTCGCCCTGC TGCATTGCT 2280
 CTTGTCTGGG TTAACCTTGT AATTATGGG GTATTGTGCA CAACTCCTC CACCTTCCC 2340
 TTGGATTCAA GTGAAAATG TTGCATTATT CCTCCATCCT GTCTGGAATA CACCAGGTCA 2400
 ACACCAGAGA TCTCAGATCA GAATCAGAGA TCTCAGAGGG GAATAAGTTC ATCCTCATGG 2460
 GATGGTGAGG GGCAGGAAAG CGGCTGGCT CTTGGACACC CTGGTTCTCA GAGAACCTG 2520
 45 TGATGATCAC CCAAGCCCCA GGCTGTCTTA GCCCTGGAG TTCAGGAAGTC CTCTCTGTA 2580
 AGCCTGCCTC CCACTAGGTC AAGAGGAAC AGAGTACCTT TGGATTATC AGGACCTCA 2640
 TGTTTAAATG GTTATTTCCC TTTGGGAAAA CTTCAGAAAC TGATGATCA AATGAGGCC 2700
 TGTGCCCTCG ATCTATTTC TTCTTCCTC TGACCTCCTC CCAGGCACTC TTACTCTAG 2760
 CCGAACTCTT AGCTCTGGG AGATCTCCAA GCGCCTGGAG TGCTTTTAG CAGAGACACC 2820
 50 TCGTTAAGCT CGGGGATGAC CTTGTTAGGAG ATCTGTCCTCC CCTGTCCTG GAGAGTTACA 2880
 GCCAGAAAGG TGCCCCCATC TTAGAGTGTG GTGTCACAC GTGAGGTGGC TTCTAGTTA 2940
 CATGAGGATG TGATCCAGGA AATCCAGTTT GGAGGCTTGA TGTGGGTTT GACCTGGCCT 3000
 CAGCCTTGGG GCTGTGTTT CCTTGTGCC CCGCTCTAGA CTTTAGCAG ATCTGCAGCC 3060
 CACAGGGTCT TTTTGGAAAG GAGTGGCTTC CTCCAGGTGT TCCACCTGCT TCGGAGCCTG 3120
 55 CCACCCAGGC CCTCAGAACT GAGCCACAGG CTGCTCTGGC CAGGAGAGAA ACAGCTCTGT 3180
 TGTTCTGCAT TGGGGGAGGT ACATTCTGC ATCTCTCAC CCCCTCAACC AGGAACCTGGG 3240
 GATTTGGGAT GAGATATGGT CAGACTTGTA GATAACCCCCA AAGATGTGAA GATCGCTTGT 3300
 GAAACCATTG TGAATGAATA GATTGGTTTC CTGTCCTCC CTCCAAACCT GGCCAAGCCC 3360

AGCTTCCGAA GCAGGAACCA GCACTGTCTC TGTGCCTGAC TCACAGCATA TAGGTCAGGA3420
 AAGAATGGAG ACGGCATTCT TGGACTTCAC TGGGGCTGCT GGATTGGATG GGAAACCTTC3480
 TGGAAAGAGGC AGATGGGGT CAAACCACG CCCTTGCCCC AGGAAGGGC CATAGGTAGG3540
 5 TCTGAACAAC TGCCGCAAGA CCACTACATG ACTTAGGGAA CTTGAAACCA ACTGGCTCAT3600
 GGAGAAAACA AATTGACTT GGGAAAGGGA TTATGTAGGA ATAATGTTG GACTTGATTT3660
 CCCCCACGTCA TAATGAAGAA TGGAAAGTTG GATCTGCTCC TCGTCAGGCG CAGCATCTCT3720
 GAAGCTTGGGA AAGCTGTCTT CCAGCAGCCT CCGTGGCCTC GGGTCCCTAC CGGCTTCTCT3780
 GCATTGGTC TGCTGATCAT GTGCCATAA TGTGTATGGA AAGTGTAAACA CATTCTTACT3840
 GGTTAAAGAC GACTACCAGG TATCTAACCT GTTTAACATT GAGATTGTGT GTGTGTGTG3900
 10 ATGTTGTGT GTTTGTATA TTGTTTACAT TTTGAGAGGT AGCATTCTGT TTCAAATGCT3960
 TTTTGTTTT CTGACCAGTA TTGTTGACTG GGTCTATAACA TTTTGAGCTG TGGTTGGTG4020
 GATTTCAAT TTTTTTTTT AAAGGTCTT CGCTGTGCTA TCTTCAAAAC CTTGAGTTG4080
 GCCCCCAATT TTTGGCATTG AAATGTTAA AAGCTATTAA TCTTGGTTA TACAAGTTTC4140
 CTTTCTCTTC TTTTGTCAT GGTATTCTAT TTGGTCTGCA GTTGAATGT AGAGAAAGTG4200
 15 GACTGATCCC CCAAGCGTTG TCTGCCCTCA CTCTTCCCTC CTTGGGTCCC GCCATTCTT4260
 TACTGGGCAG TCGAGGGCAT TGGAGGGGAA GTGACTGCC TCAGCCTCAC TCCCTGGGC4320
 CATGAAGAAA AGCTAAACAG TCTCATGGCA TCTCAGAATA ATGTTGGTC TCCCAAGAAG4380
 AAAGGTGAA GAATAACGAC ATGGCTGATT AGGCGAGGCC AGGATAGGGC TAAGGCCAGG4440
 ATTCCTGGCT GGCATCCAGT CACCCCTTCT CCCATCCTTC CCCCTCTTCT TCCACAAGTC4500
 20 CGCAGCCGAAG ACACTGTAGT CTCCCAGCCA CAGTGATGAG TGCCCTGGAG ACTCCACTGA4560
 CCTCTAGATG AAGGCCCTG GCCCTGGTTC CTGTTAATTAA ACCTCTGGT CTTGAGTCC4620
 CCCAGCACAA ACTTCTTCC TGTACCTGTC GGCTTGGGGT CACAGGGCAT GCCGGGAAGC4680
 CACAGCTGAG GGGCGCAGAC TGAAGCAGTG CTCCACCTCT CCTCTTTAG CTCAGGGTT4740
 GCTGGTCTGT GGCAGGGCGCC ACGAGTGGCC CCTGTGGCTG TTCTCAGTGG CAGTCTCTTA4800
 25 AGTTCCCACC ACAGGCAGCT CTTTATCCCC TCTCCCTACT TGACTCTTCT TCTTGCTGT4860
 GCTTTGGCC TCAAACAGGC CTGCTGGTAG CGCTCAGGGC GTGAGGCTAC ACTCCTGCC4920
 TGCCTTCCT GTCTTCATGG TCTGCCAGGG CATAACCTTGG GGAGGTGGAC CAAAGACCCA4980
 GGACTTTTG CAGTAGGCCAG TCCTACCCCC CAGTTGTCTT TTTACCAATT CAGGGTGGGA5040
 GAGAAAATG CAGCACCCCC GCATGTGAGT TACTCAGGTG TTGGGGGCTA GAAGGGACAG5100
 30 TGC GTTTAAA CAAACACTCAG AGCTCTGGCC TTAAACCTGT GGCCCCCCTAA GTCTAGGAGC5160
 CTCATCTCTT CCTGGCAGTC ATGCAGGGCAG GAGGTCTGA AAGGGAAAAC CCATTCAAGAC5220
 AACTGTTCCC CAATCTACCA GCCATCTGCA GGGGTCACTG ACCGTGGCCC TCTCCCTCCT5280
 CTAGAATGTG CCACTTATGA AGAGTCCCC ATGGGGAAAA GGAGACTCAG CTGTCCCTG5340
 GCAGCTTGTG CCAGTATCCC AGGGCAGAAG TTTCCACAGG AGCCTCTTGC CTTGCGCAG5400
 35 AGCCACTGTG AGAGGCGGTG GGAGCCAACA CCCTTGGGGG AGGGGGCAGT ACTGCTCGGC5460
 ACATCCCAGC ATCAGGTCAAG ATCACTGAAA TTAAAAAAATG TGAATTAAGT TCATATCCAC5520
 CTTTGGGGGA AGCAGGACAA ACCACCACCC CACCAAGTGT GTGACTTCTC CATATCCCAC5580
 TGCAGTTCC ATTTTTAAA TGGGAATTAA CAATCCCCCTG TGCTTGTCTA ACGTCTGCTT5640
 TAAAAAGTTT GAGACCTGT TACTGTTGA AAATGCATGC ATGTTACGAT GAATCTCCAA5700
 40 CCTGAGGAAA AAAATAAAAC TCAAAAAGCT TTGTGTAAAA AAAAAAAA AAAAGAATGA5760
 GAGGAGAGCA GGGGGCGGG 5779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2408 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

GCACGCCCTT	CGGCCGCGGC	CGGGCCGCC	GCTCCCTCCT	TCCGCTTGC	CTGTGAGCTG	60
AGGCGGTGTA	TGTGCGGCAA	TAACATGTCA	ACCCCGCTGC	CCGCCATCGT	GCCCGCCGCC	120
15 CGGAAGGCCA	CCGCTGCGGT	GATTTCCCTG	CATGGATTGG	GAGATACTGG	GCCTGTTAGG	180
CCTGTTACAT	TAAATATGAA	CGTGGCTATG	CCTTCATGGT	TTGATATTAT	TGGGCTTCA	240
CCAGATTCAC	AGGAGGATGA	ATCTGGGATT	AAACAGGCAG	CAGAAAATAT	AAAAGCTTG	300
ATTGATCAAG	AAGTGAAGAA	TGGCATTCC	TCTAACAGAA	TTATTTGGG	AGGGTTTCT	360
CAGGGAGGAG	CTTATCTTT	ATATACTGCC	CTTACACAC	AGCAGAAACT	GGCAGGTGTC	420
20 ACTGCACTCA	GTTGCTGGCT	TCCACTTCGG	GCTTCCTTC	CACAGGGTCC	TATCGGTGGT	480
GCTAAATAGAG	ATATTTCTAT	TCTCCAGTGC	CACGGGGATT	GTGACCCTT	GGTTCCCTG	540
ATGTTGGTT	CTCTTACGGT	GGAAAAACTA	AAAACATTGG	TGAATCCAGC	CAATGTGACC	600
TTTAAAACCT	ATGAAGGTAT	GATGCACAGT	TCGTGTCAAC	AGGAAATGAT	GGATGTCAAG	660
25 CAATTCAATTG	ATAAAACCTC	ACGCTCAATT	GATTGACGTC	ACTAACAGGC	CTTGTGTAGA	720
AGTACACCAG	CATCATGTG	GTAGAGTGT	AACCTTTCC	CATGCCAGT	CTTCAAATT	780
CTAATGTTT	GCAGTGTAA	AATGTTTGC	AAATACATGC	CAATAACACA	GATCAAATAA	840
TATCTCCTCA	TGAGAAATTT	ATGATCTTT	AAGTTCTAT	ACATGTATT	TTATAAGACG	900
ACCCAGGATC	TACTATATTA	GAATAGATGA	AGCAGGTAGC	TTCTTTTTC	TCAAATGTAA	960
TTCAGAAAAA	TAATACAGTA	CTGCCACCAAG	ATTTTTATT	ACATCATTG	AAAATTAGCA	1020
30 GTATGCTTAA	TGAAAATTG	TTCAGGTATA	AATGAGCAGT	TAAGATATAA	ACAATTATG	1080
CATGCTGTGA	CTTAGTCTAT	GGATTTATTC	CAAAATTGCT	TAGTCACCAT	GCAGTGTCTG	1140
TATTTTATA	TATGTGTTCA	TATATACATA	ATGATTATAA	TACATAATAA	GAATGAGGTG	1200
GTATTACATT	ATTCCTAATA	ATAGGGATAA	TGCTGTTAT	TGTCAAGAAA	AAGTAAAATC	1260
35 GTTCTCTTCA	ATTAATGGCC	CTTTTATT	GGGACCAGGC	TTTTATTTC	CCTGATATT	1320
TTTCTATT	ATACTCTTT	CTCTCAAGAA	AAAAAA	TTTGT	TCTTATTGT	1380
CCTTCATAGC	AGGCCAAGTA	TTGCCTCT	GCAATAGACA	GCTACTGTCA	ATACATGCTG	1440
TAATTGACA	TTCTGGTCA	CAGATATAAG	GTATTTAAA	TCTATTATG	CTTTATAGAG	1500
AAACCAGACA	TTAAAACCTC	ATGCACTACT	TATTCGAAT	TAUTGTACCT	TATCCAAATT	1560
TACACCTAGC	TATTAGGATC	TTCAACCCAG	GTAACAGGAA	TAATTCTGTG	GTTCATTT	1620
40 TCTGTAAACA	ACTGAAAGAA	TAATTAGATC	ATATTCTAGT	ATGTTCTGAA	ATATCTTAA	1680
GACTGATCTT	AAAAACTAAC	TTCTAAGATG	ATTCATCTT	CTCATAGTAT	AGAGTTACT	1740
TTGTACACGT	TTGAAACCAA	CTACTGTAGA	AGATGAGGAA	TCTATTGTA	TTTTTGCTT	1800
TATTTTCATC	TGCCAGTGG	CTTATTGAA	ATTTCACTT	TAGTCAAATT	ATTTTTGTA	1860
TTAGTTTTG	ATGCAGACAT	AAAAATAGCA	ATCATTAA	ATTGTCAAA	TTTCCAGATT	1920
45 ACTGGTAAAAA	ATTATTGAA	AACAAACTTA	TGGGTAATAA	AGGCTAGTCA	GAACCCTATA	1980
CCATAAAAGTG	TAGTTACCAT	ACAGATTAAT	ATGTAGCAA	AATGTATGCT	TGATATTCT	2040
CAACTGTGTT	AATTTCTG	CTGTATTCCA	GCTGACCAA	ACAATATTAA	GAATGCATCT	2100
TTATAAAATGG	GTGCTAATTG	ATAATGGAAA	TAATTAGTA	ATGGACTATA	CAGGATGTTA	2160
50 ATAATGAAGC	CATATGTTA	TGTCTGGATT	AAAAAA	AAACAAATCAT	TTACTATGTC	2220
ATTTTTCTT	ACCTTGAAAGA	ACATAAACTG	TTATTCACT	TCTACAAATC	AGCAAGATAT	2280
TATTTATGGC	AAGAAATATT	CCATTGAAAT	ATTGTGCTGT	AACATGGGAA	AGTGTAAATG	2340
TTTTTCATGG	TTTCTATCAA	TGTGAAATAA	AATTTAATT	TGAAAAAAA	AAAAAAA	2400
AAAGAGAG						2408

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:

25	CTGGGCTTTC ACGCTGCTGT GCGAGGAAC GCGCCAGAGC CTGAGCGGAG GCTGGGGCA 60
	GCCTCGCCAG CGGGGGCCCC GGGCCTGGCC ATGCCTCACT GAGCCAGCGC CTGCGCTCT 120
	ACCTCGCCGA CAGCTGGAAC CAGTGCAGCC TAGTGGCTCT CACCTGCTTC CTCCTGGCG 180
	TGGGCTGCCG GCTGACCCCCG GGTTTGTACC ACCTGGGCCG CACTGTCCTC TGCATCGACT 240
	TCATGGTTTT CACGGTGCAG CTGCTTCACA TCTTCACGGT CAACAAACAG CTGGGGCCA 300
	AGATCGTCAT CGTGAGCAAG ATGATGAAGG ACGTGTTCTT CTTCCCTTTC TTCCCTGGCG 360
30	TGTGGCTGGT AGCCTATGGC GTGGCCACGG AGGGGCTCCT GAGGCCACGG GACAGTGACT 420
	TCCCAAGTAT CCTGCGCCGC GTCTTCTACC GTCCCTACCT GCAGATCTTC GGGCAGATT 480
	CCCAGGAGGA CATGGACGTG GCCCTCATGG AGCACAGCAA CTGCTCGTCG GAGCCCGGCT 540
	TCTGGGCACA CCCTCCTGGG GCCCAGGGG GCACCTGCGT CTCCCCAGTAT GCCAACTGGC 600
	TGGTGGTGCT GCTCCTEGTC ATCTTCCTGC TCGTGGCCAA CATCCTGCTG GTCAACTTGC 660
35	TCATTGCCAT GTTCAGTTAC ACATTGGCA AAGTACAGGG CAACAGCGAT CTCTACTGGA 720
	AGGCAGGT TACCGCCTCA TCCGGGAATT CCACCTCTCGG CCCGCGCTGG CCCCGCCCTT 780
	TATCGTCATC TCCCACTTGC GCCTCCTGCT CAGGCAATTG TGCAGGGCGAC CCCGGAGCCC 840
	CCAGCCGTCC TCCCCGGCCC TCGAGCATT CCGGGTTTAC CTTTCTAAGG AAGCCGAGCG 900
	GAAGCTGCTA ACGTGGGAAT CGGTGCATAA GGAGAACTTT CTGCTGGCAC GCGCTAGGGA 960
40	CAAGCGGGAG AGCGACTCCG AGCGTCTGAA GCGCACGTCC CAGAAGGTGG ACTTGGCACT 1020
	GAAACAGCTG GGACACATCC GCGAGTACGA ACAGCGCTG AAAGTGTGG AGCGGGAGGT 1080
	CCAGCAGTGT AGCCCGTCC TGGGGTGGGT GGCCGAGGCC CTGAGCCGCT CTGCCTTGCT 1140
	GCCCCCAGGT GGGCCGCCAC CCCCTGACCT GCCTGGGTCC AAAGACTGAG CCCTGCTGGC 1200
	GGACTTCAAG GAGAAGCCCC CACAGGGGAT TTTGCTCCTA GAGTAAGGCT CATCTGGGCC 1260
45	TCGGGEEEEE—GACCTGGTGG—CCTTGTCTT—GAGGTGAGCC—CCATGTCCAT—CTGGGCCACT 1320
	GTCAGGACCA CCTTTGGGAG TGTCACTCCT ACAAAACCACA GCATGCCCGG CTCCCTCCCAG 1380
	AACCAGTCCC AGCCTGGGAG GATCAAGGCC TGGATCCCAG GCGTTATCC ATCTGGAGGC 1440
	TGCAGGGTCC TTGGGGTAAC AGGGACCACA GACCCCTCAC CACTCACAGA TTCCACAC 1500
	TGGGGAAATA AAGCCATTTC AGAGGAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA 1548

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

AACGTCATTG	GTAACAGCAA	GTCCCCAGAC	CCAGCCCCGA	GTTCCGAAGT	GGTTTGGAT	60	
TCAAAGAGAC	AAGTTGAGAG	AGAGGAAACC	AACCATGAGA	TCCAGGGAGGG	GAAAGAAGAG	120	
CCTCAGAGGG	ACAGGCTGCC	GCAGGAGCCA	GGCCGGGAGC	AGGTNGTGG	AGACAGACCT	180	
GTAGGTGGAA	GAGGCTTCGG	GGGAGCCGGA	GAACCTGGCC	AGACCCCACA	GGTCAGGCT	240	
GCCCTGTCAG	TGAGNCCAGG	AAAATCCAGA	GATGGAGGGC	CCTGAGCGAG	ACCAGCTTGT	300	
CATCCCCGAC	GGACAGGAGG	AGGAGCAGGA	AGCTGCCGGG	GAAGGGAGAA	ACCAGCAGAA	360	
ACTGAGAGGA	GAAGATGACT	ACAACATGGA	TGAAAATGAA	GCAGAATCTG	AGACAGACAA	420	
GCAAGCAGCC	CTGGCAGGGA	ATGACAGAAA	CATAGATGTT	TTTAATGTTG	AAGATCAGAA	480	
AAGAGACACC	ATAAAATTAC	TTGATCAGCG	TGAAAAGCGG	AATCATAACAC	TCTGAATTGA	540	
ACTGGAATCA	CATATTTCAC	AACAGGGCCG	AAGAGATGAC	TATAAAATGT	TCATGAGGGA	600	
CTGAATACTG	AAAATGTGA	AATGTACTAA	ATAAAATGTA	CATCTGAANG	ATGATTATTG	660	
TGNAAAATT	AGTATGCACT	TTGTGTAGGA	AAAAATGGNA	ATNGGTCTTT	TAAACAGCTT	720	
TTGGGGGGNT	ACTTTNGGAA	GTGTCTNAAT	AANGGTGTCA	CNAATTNTTG	GNTAGTANGG	780	
TATTCGTGA	GNAAGNTTC	AACACCAAAA	CTNGGAACAT	AGTTCTCCTT	CAAGTGTG	840	
CGACANCAGGG	NNGCTTCCTG	ATTCTGGAAT	ATAACTTTGT	GTAAAATTAAC	AGCCACCTAT	900	
AGAAGAGTCC	ATCTGCTGTG	AAGGAGAGAC	AGAGAACTCT	GGGTTCCGTC	GTCCTGTCCA	960	
CGTGCTGTAC	CAAGTGTG	TGCCAGCCTG	TTACCTGTT	TCACTGAAAA	GTCTGGCTAA	1020	
40	TGCTCTTGTG	TAGTCACTTC	TGATTCTGAC	AATCAATCAA	TCAATGGNCC	TAGANGCACT	1080
GAATGTTAAC	ACAAACGTCA	CTAGNCAAAG	TAGNCAACNA	GCTTTAAGTC	TAAATACAAA	1140	
GCTGTTCTGT	GTGAGAATT	TTTAAAAGGC	TACTTGTATA	ATAACCCCTTG	TCATTTAA	1200	
TGTACAAAAC	GCTATTAAGT	GGCTTACAAT	TTGAACATT	GTGGNTCTT	ATTTACTTTG	1260	
CTTNCGTGTG	TGGGCAAAGC	AACATCTTCC	CTAAATATAT	ATTACCAAGA	AAANGCAAGA	1320	
45	AGCAGATTAG	GNTTTTGAC	NNAAAACANA	ACAGGCCNN	AAAGGGGGCN	TGNACCTGGA	1380
GCAGAGCATG	GTGNAGAGGC	AAGGCATGNA	GAGGGCAAGT	TTGTTGTGGA	CAGATCTGTG	1440	
CCTACTTTAT	TACTGGAGTA	AAANGAAAAC	AAAGTTNCAT	TGATGTCGNA	AGGATATATA	1500	
CAGTGTNAG	AAATTNNAGG	NACTNGTTN	AGAAAAAACAG	GAATACNNAA	TGGNTTGNNT	1560	
50	TTTATCATAN	GTGNTACACA	TTTAGCTTGT	GGNTAAATNG	ACTCACAAAA	CTGANTTTA	1620
AAATCAAGTT	AATGTGAATT	TTGAAAATTA	CTACTTAATC	CTAATTCA	ATAACAATGG	1680	
CATTAAGGTT	TGACTTGTG	TGGTTCTTAG	TATTATTTAT	GGTAAATAGG	CTCTTACAC	1740	
TTGCNAAATA	ACTGGNCCAC	ATCATTAAATG	ACTGACTTCC	CNAGTAANGG	CTCTCTAAGG	1800	
GGTAAGTNAG	GAGGATCCAC	AGGATTGAG	ATGCTAAGGC	CCCAGAGATC	GTTGATNCC	1860	
AACCCTCTTA	TTTCNAGAG	GGGAAAATGG	GGCCTNAGNA	AGTTACANGA	GCATCNTNAG	1920	

CNTGGTGC_G TGGNCACCCC NTGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGA_NCTA1980
 CAGGCACACA GTCACTGAAG CAGGCCNTG TTTGCAATT_C ACGTTGCCNA CCTNCCAA_CN2040
 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCC_A2100
 GAAAAGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTCCA2160
 5 GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220
 AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
 CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:

35

CGAGGACCGG CCTTGC_GGAGC GGC_GACGACT ATAAAATGGC GCGTGTGCA ACCCGCGCCC 60
 GCTTCGGAGA GAGAAATGCT GGGGTGCAGC TTGAAGCTTA GGACCA_CCCA CCATGCCTAT 120
 CCAGGTGCTG AAGGGCCTGA CCATCACTCA TTAAGAACAG AGGAGGCTGC CTGTTACTCC 180
 TGGTGTGCA TCCCTCCAGA CACTCTGCTG TTTCTGCCT AGGCGTGGCT GCAGCCATGG 240
 CTAGGAAAGC GCTGCCACCC ACCCACCTGG GCCAGAGCTG GTTCTGCTCC TGCTGCAGGG 300
 40 ACACTGAGCT GGCTATCTCG GCGCTTCGGG CAAGAACTGC AACAGGCTCT CCTGGGTCT 360
 GCAGGGTGTAC AGCCGGGCC CTGCCTGTG CCTCAGCTCT CGAGAGCTGC TGCTGCCGGG 420
 TGACCTGATC CAACCTGATA AGGTGCCATC TTCA_GGCTACC ACTGCAAGGC CCTGAGGGCA 480
 ACAGCAGCAC GGC_GACTGCC ACCCGGCTGC TGATGGCCTG GTGCCAGCTG GGAGTCC_TCC 540
 CGGCAC_TCG AGGCCACTGA GCCACCC_TTC CAGCCCCAGC CCACCATGGA CAGGGGTATC 600
 45 CAGCTTC_TTC CTCACAC_TCG TCC_TCTGCC_C CTGAGGCCAGT GACGCCAAG GACATGCC_TG 660
 TTACCCAGGT CCTGTACCA_G CACTAGCTGG TCAAGGGCAT GACAGTGTG GAGGCCGTCT 720
 TGGAGATCCA GCCCATCA_T GGCAGCAGGC TGCTCTCCAT GGTGCCAGGG CCCGCCAGGC 780
 CACCAGGCTC ATGCTGGAC CCAACCCAGT GCACAA_GGGAC TTGGCTGTG AGCCACACAC 840
 CCAGGAGAAG GTGGATAAGT GGGCTACCAA GGGCTTC_TCTG CAGGCTAGGG GAGGAGGCCAC 900
 50 CCCC_GCTTCC CTATTGTGAC CAGGCC_TATG GGGAGGAGCT GTCC_TATACGC CACCGTGAGA 960
 CCTGGGCTG GCTCTCAAGG ACAGACACCG CCTGGCCTGG TGCTCCAGGG GTGAAGCAGG1020
 CCAGAATCCT GGGGGAGCTG CTCC_TGGTT GAGCTGCATT CAGGAAGTGC GGGACATGGT1080
 AGGGGAGGCA AAAAGCCTTG GGC_GACTACCC TCC_TGTGGA GCTGTT_TCGGT GTCC_TGTGAG1140

CTAGCCACAC CCTGACACCA TGTTCAAGGG TACCGGAAGA GAAGGGTGTG TGCCCCAAC 1200
 CTCCCCTGTG GGTGTCAGT GCCAGATGTC ATGAGGGAAAG CAGGCCTTGT GAGTGGACAC 1260
 TGACCATGAG TCCCTGGGG GAGTGATCCC CCAGGCATCG TGTGCCATGT TGCACCTCTG 1320
 CCCAGGCAGC AGGGTGGGTG GGTACCATGG GTGCCACCC CTCCACCACTA TGGGGCCCCA 1380
 5 AAGCACTGCA GGCCAAGCAG GGCAACCCCA CACCCCTGAC ATAAAAGCAT CTTGAAGCTT 1440
 TTAAAAAAA AAAAAAAA AAAATAA 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1348 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

CGTAACTGCA GGTTGTGTGA GTGCGTTAAA AAAAAAAA AAAAAAAGAA TCCCTATACC 60
 35 TCATTGTAT TTTTAAATG CGTGATGTT TATGAAATTG TGTCCATTTC TTAGGTATTA 120
 GATATGGCAG AAAAACCAATT TCCACTATGC AAAGTTCTTT TAGACGTCAG TGAAAATCAA 180
 CTCTCATACC TCATGGCTCTC TCTTTAATTG ACCAAAACCT TCCATTTC TCTAAATACA 240
 AAGCGATCTG TGTTCTGAGC AACCTTCCC CGAACACACCA GCTTCAGTGC AGCACGCTGA 300
 CCTGAGTATC CACCATGTGC CAGGCACAGT GCTGGGCACA CGAGGCACCA AGGTCCGGGC 360
 40 CACCTGCCCG CAGCAAGGCC CAGCTGAGGT GGTGGAGGGG GCCCCTGAGG TCAGGGGCCG 420
 TTTCGGTTCA GGGTGGCAGG TGTCCAGCAC TGGGGTATGG CGTCGAGGCT TCCATGGGGT 480
 GGGGGAGGCC AGCTTCTTC TGACAGGATG GGCACATACA GTGCCTGGTG TGATTTGTGC 540
 ACAACCCGTG TTCCAGGTGC ACATCCTCCC AAGGAGACAC CCAGACCCCTT CCAGCACGGG 600
 CCGGCCAAGT TGCTGGCG GAGGCAGCAT TTCAAGCTGTG AGGAAGGTCA TTGGATTCAT 660
 45 GTGTTTATC TGTAAAAATG GTTGTCTTAA CTTCTTAACCTC ATATTGGT AAGTGTATTGA 720
 TAAAAATTGG TTGGTGTTC ATGACATGTG GACTTCTTT GAAATAGCAA GTCAAATGTA 780
 GTGACCAAAT TGTGGAAGAG ATTTCTGTCA AATAGGAAAT GTGTAAGTTC GTCTAAAAGC 840
 TGATGGTTAT GTAAGTTGCT CAGGCACCTCA GATGACAGCA GATTCTGGGT TCTGGAGTG 900
 TTCTGTGCCT CTTACATGCC CTGGAGGCCT CATGGTCTCA GTGCTGAGGC GGCACACCTG 960
 50 TAGCACACCT GCGTAATGTG CGGTCTGGGC CAGTCACAAAG GAATTGTGTT GTCTAACCCA 1020
 AAGGGGGAAG CTGACTGTGA TTTACAAAAA AAAATTCTGT AATTCAAACC AAAATGTCTG 1080
 CGGAATCACC AGTTTGATAC TCTCTGTAAT CAGAACAGTG GGCAGTGCCT GGGTGAACGT 1140
 GTCTAGCAGC CACTGTGCGG GATCGCTGTA ACAGGAGTGG AATGTACATA TTTATTTACT 1200

TTTCTAACTG CTCCAACAGC CAAATGCCTT TTTTATGACC ATTGTATTCA GTTCATTAC1260
 AAAGAAATGT TTGCACTTTG TAATGATGCC TTTCAGTTCA AATAAAATGGG TCACATTTTC1320
 AAATGGAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA 1348

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1290 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

30 CCCAACTCCA CCCAGGGATC CTGGTGTACG GGCTGACCTG TTATGCTTT CTGCCCTTCG 60
 GCCCTTGGG GAGCCACGGC GGGAGGTGGA GATCCACCGG CGATATGTGG CCCAGTCGGT 120
 CCAGCTCTT ATTCTCTACT TCTTCAACCT GGCGTGCTT TCCACTTACC TGCCCCAGGA 180
 TACCCCTAAA CTGCTCCCTC TGCTCACTGG TCTCTTGCC GTCTCCCGGC TGATCTACTG 240
 GCTGACCTTT GCCGTGGGCC GCTCCTTCCG AGGCTTCGGC TACGGCCTGA CGTTTCTGCC 300
 -ACTGCTGTG- ATGCTGATGT GGAACCTCTA CTACATGTTC GTGGTGGAGC CGGAGCGCAT 360
 GCTCACTGCC ACCGAGAGCC GCCTGGACTA CCCGGACCAC GCCCCGCTCGG CCTCCGACTA 420
 CAGGCCCGC CCCTGGGGCT GAGCCTCTCC GCCCTCGCCC TCGGAGTAGG GGGTAGCGGC 480
 TTGGGTCTGA CACATCTTG AACCTGTGG CCAGGCCTGG ACTTCGCC 540
 40 ACCCGGGTGG GTGGAACCCCT GCTACTGCC CAACAGGGAC TCCAATCAAT CGGAGTTCTC 600
 CCCTTGGCCGG AGCTGCCCTT CACCTTTGGG GCCCGAGACA GTCATAAGGG ATGGACTTAG 660
 TTTTCTTGCA GGGAAAAGG TGGACAGCCG TGTTTCTTAA GGATGCTGAG GGCATGGGC 720
 CAGGACCAGG GGAGAGGGCAC AGCTCCTTCC TGAGCAGCCT CTCACCACTG CCACAAGGCT 780
 CCCTAATGCT GGTCTCTGCT CCACCTCCCG GCTTCCCGT AGGCAGGAGG CAGAGCCACA 840
 45 GCCAAGGCC-TGACCACCTC-TGTGCCAGTT GTCTAAGCAG AGCGCCTCAG GGACGCTGGA 900
 AATGCCTTAA GGATAGAGGC TGGGCATCAC ATCAAATGGG ACTGTGGTGT TTGGTAAAAA 960
 CCTTCCTGAG GATCTGGATT CAGGACCCCTC CATGACTGGC CTATTACTG TTTACAGCTG1020
 GCCAGTGCAG AGCTGCTGCT CTTTACCTT TTTAGGCCCG TGTAACCTCC CACCTTAAA1080
 CTGCCAGAA GGCATGCCCTC TCCCACAGGA AGAGGGGAGC AGACAGGGAA ATCTGCTAC1140
 50 CAAGAGGGGT GTGTGTGTCT TTGTGCCAC ACGTGGTGGC TGGGGAGTGC CTGGATGGTGT1200
 CGGTGGTTGA TGTTAACCTA GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT1260
 GTGTAACAAT AAATTACTAC CAGTCAAAAA 1290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 2912 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162:

25 GTCGACCGTG GCCGCTGGCT GGCTGGACAG GCGGGTGTGA GGAGTTGCAG ACCCAAACCC 60
ACGTGCATTT TGGGACAATT GCTTTTTAAA ACGTTTTAT GCCAAAAATC CTTCATGTG 120
30 ATTTTCAGAA CCACGTCAGA TATACCAAGT GACTGTCTGT GGGTTTGAC AACTGTGGAA 180
AGGCAGCAG AAAACTCCGG CGGTCTGAGG CCATGGAGGT GGTTGCTGCA TTTGAGAGGG 240
ÄGTAGGGGGC TAGATGTGGC TCCTAGTGCA AACCGGAAAC CATGGCACCT TCCAGAGCCG 300
TGGTCTCAAG GAGTCAGAGC AGGGCTGGCC CTCAGTAGCT GCAGGGAGCT TTGATGCAAC 360
TTATTGTAA GAAGGATTAA TAAATTTTT ATGGGTAGAA TTGTAGTCAG GAAAACAGAA 420
AGGGCTTGAA ATTTAATAAG TGCTGCTGGA AGGGGATATT CCAAGCCGGC AAGAGGATTC 480
35 AGCAGCTGTG GTGGGAAAC ATTTCTCTG AAAGACTGAA CGTGTTCCTT CATGACAGCT 540
GCTCAAAGCA GGTTCTGAG ATAGCTGACC GAGCTATGGT AAATCTCTT GTCAAATTAC 600
GAAAACCTCA GGGTGAATC CTATGCTTCC ATGTACATTA CATGGCTTAA GATTAAACAA 660
AAACATTTT CAAGTCTCTA ACTAGAGTGA ACTCTAGAGC ACAGTAGTTC AGAAAACATT 720
40 TAGAGCTTCC AGGATATATT TCACAGCTTC AGGCATGTGA TCAGTTAGAG CCGATGAAAC 780
CTATGCCCGC CTGTATATAT ATTAGCAGCT TAGCTAGTTC ATAACCTGTA TATTCTAAAG 840
ACTGCTAAGG TTTTGTTC ATTAAATC CTAGCTGATT GTTGTGGTCA ATGAAATACC 900
CAGTTCTGG AGGGNCCAGG TGGGAAATGC TTTCACTGGA CCAACACACA AATGATCATC 960
CTGNAGGATC TGAGCTCCC TANGACTCCA CACAATAACN GTTGGGGCAC CCNTTTTANG1020
AGAAGACTGT TGAAACCCAC AGCACTCGTT GGGGTATGAG GAAACCAGGG NCTTGGCACA1080
45 GGAAGTTCCC CTTTGTAGCT AAAAGTCCAG AAAGAAAGGG TTCACTTTTG TGAATTGCAA1140
CTGATATTGG GAAGTTGGT TGAGGTTCAA GTGTGACTCC TTCCAGAGCC ACAGGTAGGG1200
GAGTGTGAAG TTGAGGGGA GGAAAGCTGG AAGGACTCTG CCTTGGGAGA TTCCAGCTC1260
TGCTTCCAG CGCTTGGTGG NAATCTGGC TGGGAAAGA CNGGCACCN GGAAACTCTG1320
CTTCCCCATT GTTCCATCT GATCAGCTGT GGTGTGAGGA CTTCAGAC AAAGGCAAGG1380
50 CCTCNGTGCC CCTGCCAGC CCATTCACTGG AGCCCTGGC CTTCTGGCT TCCATAGATC1440
CTAAGCTCTT GACTGTAGTT TAGCCAGACT TGTTTGCTA TCTTATNAAG CAGTTCAGAA1500
TTANGGGAAT GCTGGTTTG AAGAGCAAAG GACAGGTAGT CTAGNAGAGG GNTCGTCTGG1560
NCCTGCTTGC TGGGNTCNNT TTGTAACCCA GCACCTCCNT CTTGCCCTCC TGGCTTTATG1620

	TTTATNGGGG	AGAGGACTCA	ATNAGCTCCA	CCCCTCTTG	GCACCAGATG	GGGTTGGT1680
	TAGTTTNGCA	ATAAGCACCT	TGCAGANGGN	TTAAAGCCAG	CGGGTCCCNT	AGTCTNNAG1740
	GCCCAGCCTG	CTGTGTGTGG	GCTCTGGCCT	GGCCTGGTGG	CTGGCCCAGG	GCGGAGCAAG1800
	TGCTTAGAGC	TTCAGCAGGG	CTTCTCTTGT	TTACACAGCT	GCATCAGACA	ATGCCATTTC1860
5	TCCCCACAC	GGAACCTTCC	ATCTAAGATT	TCTTCCANGG	GAATGCCAGC	AATCAGGCAG1920
	CACCCAGCTG	TGGGGGCAGT	GGGGTGGGGG	AGACCCACAT	TGATGACTTT	TTTTTTTCT1980
	TTTAATGAAG	AAACACCAAA	GAAAGCTGTG	GAAAGGACCT	GCCCCACATG	AAAAGGATAA2040
	GCCAAGATGG	CTGTAAACAC	AGAGCATTG	AGCTGCCACT	CTTGGAGCAC	ATTGATTTT2100
	CAAAGCCAG	CTCTGTCAAGG	AAAGGAGGTG	CTGTTATGAG	CAGCTCTTCC	AGTGGNCAA2160
10	AGAGGACGCC	CATNAATTTC	TTCCATTGCT	AGCTCATCTG	TGGGGACCAA	TTTGGTGTAA2220
	AGCAACCTGT	GGCCTGCACT	TGTGGCCTCG	AAGGAAGCAC	AAACCCCTCCA	TCCACTTCCC2280
	ATTTCCCTCTG	CCCTTTCCA	CCTCCCCCTT	CCATCCCACC	AGCTGCCNAG	TGGCTNCCA2340
	GAAAGCCTTA	TTGAGCCCC	TGTTGACACT	TGGGGCTGCG	GNAGGCCTCT	CCCNACTGG2400
	TCTGGCCTTT	CCTGAGAGGC	AGGTCTTCCG	TCCTCAGAGC	CTTTCTGGAA	CAAGGAGAAT2460
15	GCCTGTGNNC	AGGTGGNNAC	ACNACNAGGC	CTGGCCTGTN	CGCTNCTCNA	CTGTCTTNC2520
	CAGCGGGGAN	GCTTNCACGT	TGCCNGAGTG	GAANGAANCC	ATGACCNNTC	CACTTNGCTT2580
	NCCAAGGNTG	NCTAGGGAAG	TTTCAGGGTA	CGCTGGNTTC	CCCTCNTCCA	GCTGGANGGC2640
	CGAGTTCTG	GGGNACNTGC	AGATTTTNC	TAECTCTGTGA	NTCGATTCAA	TGCCCGATGC2700
	TTCTGTTTNC	ATTCCCAGCC	CTTCTACTA	TGCATTTC	TTTATCAGG	TGTATAAAAGT2760
20	TAAATACTGT	GTATTTATCA	CTAAAAAGTA	CATGAACCTA	AGAGACAAC	AAGCCTTCG2820
	TGTTTTCCA	CAGGTGTTA	AGCTCTCTG	TACAGTTGAA	ATAAACAGAC	AGCAAAATGG2880
	TGCCAANAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AA		2912

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 850 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs.

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

50 CCGTGTGTTGTA CGGCGGACTT CTCGCGCAGT GAATGACCTG GAAGTGTATGC CTAAGCTGT 60
GGACCGCGCG GGATCGCCTC CCTGGGGACTA GGTTCAGCG GCCGCTGCGA TGACCAAAAT120
AAAÁGCAGAT CCCGACGGGC CCGAGGGCTCA GGCAGGAGGCG TGTTCCGGGG AGCGCACCTA180
CCAGGAGCTG CTGGTCAACC AGAACCCCCAT CGCGCAGCCC TGGCTTCTCG CGGCCTCACG240

CGGAAGCTCT ACAAAATGCAT CAAGAAAGCG GTGAAGCAGA AGCAGATTG GCGCGGGGTG 300
 AAAGAGGTTTC AGAAATTTGT CAACAAAGGA GAAAAAAGGGA TCATGGTTT GGCAGGAGAC 360
 5 ACACTGCCCA TTGAGGTATA CTGCCATCTC CCAGTCATGT GTGAGGACCG AAATTTGCC 420
 TATGTCTATA TCCCCTCTAA GACGGACCTG GGTGCAGCCG CAGGTCCAAG CGCCCCACCT 480
 GTGTGATAAT GGTCAAGGCC CATGAGGAGT ACCAGGAGGC TTACGATGAG TGCCTGGAGG 540
 AGGTGCAGTC CCTGCCCTA CCCCTATGAG GGGCTCCGGT AGCACCTGGG CACCTGCCGC 600
 10 TGGAAGCTAT TGGGCTGGCA GCAGGACCGAC TGGCTGTCCT CCTGCCACC CACACTGACG 660
 GCATCTTCCC AGTTCCCAA GGCACGCCCT CTTCCCAGGC AGCTCTAACAA GCCCTTTCAT 720
 GAAGGTAATG CTAGTCTTCT GTCCATCAGT GCCATTTCCGT GTAGAACTAA AGGCTGTTCC 780
 15 AAGAATGTGG GGTGGGGAAA GTAAATGCTA AGACTAAAAA AAAAAAAA 840
 AAAAAAAA 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164:

40 GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG CGGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC 120
 GGTGTGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCAGGGTA GGCAGTCTGCG CTCGGTTGA 180
 45 GGGCTCGGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC 240
 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT 300
 GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGACTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT 360
 TGAGACAGAA ATCAAGAACAA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA 420
 50 TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATAACGG TGAAAATCAG 480
 TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT 540
 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTCACA GAGAGGTCA TGTGATCTT 600
 GGTAAAGAAT CTAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACATCTCT TGAAACCCAT 660
 CTCTGTGGAA GGCAGTCAA AAAAGTCAA GACTGATAACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA 720
 GAAAGTGGAA AACACAAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA 780
 AGAGAAGGCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA 840
 GAAAATTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA 900

ATCAAGAGAG	AAGCAAGCCA	AAGGAGACAC	GGAATTTGA	GAATTAAAG	TCGTTTG	960	
AACTGTGATG	TGATGTGAA	ATACTGATGT	TTCCAGTAAG	GGAATATTGG	TGAGCTGC	AT1020	
ATATAAATT	GACAGATAGC	TATTTACATA	GCCTTCTAAG	AAAGGCAAT	GAATTCTCA	1080	
5	TTTCCTACTG	GAGGATTAT	TTAAATAAA	TATGCTTATT	AAACACTCCT	GCAAAGATGG	1140
TTTTATTAGT	ACCTGGTCA	TTTGTTCAA	GGAAGGGTTA	TATTGCATTC	TCACGTGAA	1200	
TATAAAAAGC	AAGTCTGCC	CAATAAAAAC	GCTACATTGT	GTGTATT	TGTTCA	1260	
AGAATTGGAA	AAGTATTGTC	TTGCCTTTA	AGTTACTGAC	ATCAGCTTCC	ACCAGTGTAA	1320	
AAATTGAGTA	AAACCTGAAAG	TTTGCATAA	AATGCAAATC	GGTGCCTGTG	CTTGAAGGTT	1380	
GCTGTAGAGC	ATCTGACCCC	TTATTACCA	CTTAAGCAAT	GTATATGCCA	TGCATTACCA	1440	
10	TGCACTAATT	CAATCACAGG	TGTTTCTATC	TAGATTAAA	TATATTGTC	AATGAATGTG	1500
GAATAGAAAA	TCTAACATG	ACAATAATAG	ACATATCTT	GTATGGTACC	AGTTAGTTT	1560	
GCCGTGGATC	AGATGGTTA	AAAAGTAAT	AACCATAAAG	CAAAAATAA	TTTGAAGCC	1620	
CGTCTATTCC	TATGCTCAAT	AAAGTTAAGT	TTTCCTTCAT	TAGAACAGTT	TTATGATTTA	1680	
TTTGTCTAGG	AGTATGTCAG	AAAATCAGG	CTTTTAGTAG	GAATTACTCC	TATTCCCCCT	1740	
15	GAAGTCAGGA	CCAGTGCCTG	TGATCTCCAT	TACTTTATT	TCCTGGAGGT	ATTAGCCAAC	1800
ACAGTTAGAT	CAGAGAAAGC	AATTGAAGCC	AGGCATGAAG	TGGCGCCCGT	AATCCCAGCT	1860	
ACTAAGGCTG	GAGGATCACT	TCAGGCCAGG	AGTTTAAGGC	TGCAGTGAGC	TATGATGATG	1920	
CCACTGTACT	GCAGCTGGG	TAACAGATTG	AGAACCTGTC	TCATTA	AAAAAAAAA	1980	
20	AAAAAAAGCCG	TTAGACACAC	AGGAAAATC	CAGAAGGGTA	AACTAAACTA	AAGTCCAATT	2040
AATATGGGAA	TTTGGAAAGAA	GTGGTAGGAT	TTAAAATACA	GAACCAGTTT	ATGTTAGGAT	2100	
AGTATAAGTA	AATCTGAACAC	CATTATGCC	TCTGTAATTG	GGGTTGCACA	TGACAGATGG	2160	
CAGCACAAATC	ATTGAAAAGTT	CAGATATGGT	AAAGTGGGTA	GATGGTTTA	TGTCTAGTAC	2220	
	TGA					2223	

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 547 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

QDFIGGEPTP	GRYCHGGFGV	LLSRMILLQQL	RPHLEGCRND	IVSARPDEWL	GRCILDATGV	60	
GCTGDHEGVH	YSHLELSPGE	PVQEGDPHFR	SALTAHPVRD	PVHMYQLHKA	FARAELERTY	120	
QEIQELOQWEI	QNTSHLAVDG	DRAAAWPVGI	PAPSRRPASRF	EVLRWDYFTE	QHAFSCADGS	180	
PRCPLRGADR	ADVADVLGTA	LEELNRRYHP	ALRLQKQQQLV	NGYRRFDPAR	GMEYTLQL	240	
EALTPQGGRR	PLTRRVQLLR	PLSRVEILPV	PYVTEASRLT	VLLPLAAAER	DLAPGFLEAF	300	
ATAALEPGDA	AAALTLLLY	EPRQAQRVAH	ADVFAPVKAH	VAELERRFPG	ARVPWLSVQT	360	
50	AAPSPRLMD	LLSKKHPILD	LFLLAGPDTV	LTPDFLNRCR	MHAISGWQAF	FPMHFQAFHP	420
AVAPPQGPGP	PELGRDTGRF	DRQAASEACF	YNSDYVAARG	RLAAASEQEE	ELLESLDVYE	480	
LFLHFSSLHV	LRAVEPALLQ	RYRAQTCSAR	LSEDLYHRCL	QSVLEGLGSR	TQLAMLLFEQ	540	
EQGNST*						547	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

5 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

20	TAAACMPSPA GRPSFPCISK PSTQLWPHHK GLGPQSWAVT LAALIARQPA RPASTTPTTW	60
	QPVGAWRQPQ NKKRSCWRRAW MCTSCSSTSP VCMCCGRWSR RCCSATGPRR AARGSVRTCT	120
	TAASRACLRA SAPEPSWPCY SLNRSRATAP DPTLSPWAVA WPHPTPLLPQ NQSHLPASLG	180
	RAGRSQTPSW PTGPLSGSVG PWALDKHWT CPQSHPLLIP NPVSLPPDAA DSGCGLHVFM	240
	QYSLPDASPA SGPWGLGCRR VVGEEGGS*	268

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

30 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

45	MKRQLGRLLL LRRVLDPLLC DFLDSQDSGS LCFCFRWLLI WFKREFPFPD VLRLWEVLWT	60
	GLPGPNLHLL VACAILDMER DTLMMSGFGS NEILKHINEL TMKLSVEDVL TRAEALHRQL	120
	TACAEGPTTC RRSGVGGRP	138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

50 (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

15 RHWGAGVDRL NYEDHCFSGH ATMHAENLWP GRLSSVQQIL QLSDLWRLTL QKRGCKGLVK 60
VGAPGILQGM VLSFGGLQFT ENHLQFQADP DVLHNSYALH GIRYKNDHIN LAVLADAEKG 120
PYLHVSVESR GQPVKIYACK AGCLDEPVEL TSAPTGHTFS VMVTQPITPL LYISTDLTHL 180
QDLRHTLHLK AILAHDEHMA QQDPGLPFLF WFSVASLITL FHLFLFKLIY NEYCGPGAKP 240
LFRSKEDPSV * 251

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

40 PVEADPPEAW LQGAGEGGCP RHPAGDGAQL WGAAVHREPP PVPGRPRRAA QQLCIAWHPL 60
QERPYQPGRA GGCRGQALPT RVRGVPWPAC QDLCLQGRLP GRASGADLGA HGPHLLGHGD 120
TAHHATALHL HRPHTPAGPA AHAAPQGHPG P* 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

45 (A) LÄNGE: 315 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

VIFYLYNKVY	LHGSDFDPS	QQRHCTSASS	RFGSSLPVPY	VTEASRLTVL	LPLAAAERDL	60
APGFILEAFAT	AALEPGDAAA	ALTLLLLYEP	RQAQRVAHAD	VFAPVKAHVA	ELERRFPGAR	120
VPWLSVQTA	PSPLRLMDLL	SKKHPLDTLF	LLAGPDTVLT	PDFLNRCRMH	AISGWQAFFP	180
MHFQAFHPAV	APPQPGPPE	LGRDTGRFDR	QAASEACFYN	SDYVAARGRL	AAASEQEEEL	240
15 LESLDVYELF	LHFSSLHVLR	AVEPALLQRY	RAQTCARLS	EDLYHRCLQS	VLEGLGSRTQ	300
LAMLLFEQEQ	GNST*					315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear.

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

TAAACMPSPA	GRPSFPCISK	PSTQLWPHHK	GLGPQSWAVT	LAALIARQPA	RPASTTPPTW	60
QPVGAWRQPQ	NKKRSCWRAW	MCTSCSSTSP	VCMCCGRWSR	RCCSATGPRR	AARGSVRTCT	120
TAASRACLRA	SAPEPSWPCY	SLNRSRATAP	DPTLSPWAVA	WPHPTPLLPO	NQSHLPASLG	180
RAGRSQTPSW	PTGPLSGSVG	PWALDKHWT	CPQSHPLLIP	NPVSLPPDAA	DSGCGLHVFM	240
40 QYSLPDASPA	SGPWGLGCRR	VVGEIGGS*				268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

45 (A) LÄNGE: 259 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

YDPIGFGLSW	EAGRIIGWGK	PTRGRGRGGS	LSTRGRGSEV	PDSAHLAPTP	LFSESGCCGL	60
RSRFLTDCKM	EEGGNLGGLI	KMVHLLVLSG	AWGMQMWTTF	VSGFILLFRSL	PRHTFGLVQS	120
KLFPPFYFHIS	MGCAFNLCI	LASQHAWAQL	TFWEASQLYL	LFLSLTLATV	NARWLEPRTT	180
AAMWALQTVE	KERGLGEVP	GSHQGPDPYR	QLREKDPKYS	ALRQNFFRYH	GLSSLCNLGC	240
VLSNGLCLAG	LALEIRSL*					259

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

DGPSTGLVRC	LGHANVGDLR	LRLPAFPKPS	PTYLRTSAEQ	TLPLLLPHLH	GLCLHQPLHL	60
GFTACILGSAH	ILGGQPALPA	VPEPYAGHCQ	RPLAGTPHHS	CHVGPANRGE	GARPGWGGR	120
35 QPPGSRSLPP	AAREGPQVQC	SPPEFLPLPW	AVLSLQSGLR	PEQWALSRWP	CPGNKEPLAW	180
ALHANKCFFR	KKKKKKRGER					207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 40 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

5 ISFLEQGNLV IVLSLPRIHP YLENWGLKAI RIHQFKNTYV HLISNTNYPE ETKIDQIYSS 60
K* 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

25 CLPQYWKCHE FSIRRTLLLH HFKVIPVIVA KESTQWEMEE KCRESKQLVF SFITEVL* 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

30 (A) LÄNGE: 252 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

AWGPAPAGTA LRAGLGVGRA EPHGALRAAP AWASLADFDW VWDDLNKSSA TLLSCDNRKV 60
 SFHMEYSCGT AAIRGKELG EGQHFWEIKM TSPVYGTDMV VGIGTSDVLD DKYRHTFCSL 120
 LGRDEDWGL SYTGLLHHKG DKTSFSSRFG QGSIIIGVHLD TWHGTLFFK NRKCIGVAAT 180
 50 KLQNKRFPYPM VCSTAARSSM KVTRSCASAT SLQYLCCHRL RQCGQTRETR WRVCRCRRAS 240
 SRCYTTSWAG S* 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

5 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

20	GPAAAADPPA CLPSLAALAQ AVAAQVLEGS GAGTGAGDLH AAPGRRGAHH RVESLVLQLG	60
	GCHTYTLPV L EKGECAVPGV QVHANDGALA EPRREAGLVA LVVEEARVGE APAVLI PAQQ	120
	AAERVAVFVQ VHIRRPDAHH HYGAVDGRGH LDLPEV LALP QLLGAPDGRC AAAVLHVEAD	180
	LTVVTAQQGG *	191

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

30 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

40	LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVIAAPAPVWQ GPGSVGARS RRRHGVSTSL IRETPFTKAM	60
	EVEAAEARSP APGYKRSR GR YKCLSCTKTF PNAPRGARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE	120
45	TEAKAEEASG EKVSASGAKP RPYRCPLCPK AYKTAPDVRS HRRSHTGEKP FPCPECGR	178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

15 REVSCKCWTE GGRWDEPHSP LLKNDHLQDS VIPGGQALPA LGHTWLRHPW SQCLGWRRPV 60
LAARCGALES SPISFLATPV QRPLQPHSAP TYLGTTPAGAR EYQGGRRAQRD QGKPLAWRVW 120
GTLPOQGRTRQ EEAQELGPAA QELGPATQAG LGTWQGLGIL TLDLGDLGGT GRGEMGGPAP 180
AQCRPHPCTE APPCHAPRRL PELTGG 206

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

ELDGMEDEGGQ REERKRNAKC GQPPRVKIEG SVMQVLDRRR QVGRAPQPPP QKRPPPLSD 60
PWGAGGSASPR PHVAPAPMVP VPWMETASSG GQMWCSGIQS HFLPGHACPA ASSAAFPSPYL 120
40 PGDPGWGTRV PGG* 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

45

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren.
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

10 RMKCSQPPRC HFQSDFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF 120
SIWAHQDAPR RACARVPT* 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

15 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

VHGREALGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLECQEG EAFFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIIPC HAGPLEQVGW GWYVLSQPW 120
QPCPLGKVIS DL 132

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

5	GQDSPTGKSN ILVFKLGGTS LSLSVMEVNS GIYRVLSTNT DDNIGGAHFT ETLAQYLASE	60
	FQRSFKHDVR GNARAMMKLT NSAEVAKHSL STLGSANCFL DSLYEGQDFD CNVSRARFEL	120
	LCSPLFNKCI EAIRGLLDQN GFTADDINKV VLCGGSSRIP KIQQLIKDLF PAVELLNSIP	180
	PDEVIPIGAA IEAGILIGKE NLLVEDSLMI ECSARDILVK GVDESGASRF TVLFPSTPL	240
	PARRQHTLQA PGSISSVCLE LYESDGKNSA KEETKFAQVV LQDLDKKENG LRDILAVLTM	300
	KRDGSLHVTC TDQETGKCEA ISIEIAS*	328

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 417 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

30	MSSNCTSTTA VAVAPLSASK TKTKKKHFCV QKVKLFRASE PILSVLMWGV NHTINELSNV	60
	PVPVMLMPDD FKAYSKIKVD NHLFNKENLP SRFKFKEYCP MVFRNLRERF GIDDQDYQNS	120
	VTRsapinsd SQGRCGTRFL TTYDRRFVIK TVSSEDVAEM HNILKKYHQF IVECHGNTLL	180
	PQFLGMYRLT VDGVETYMVV TRNVFSHRLT VHRKYDLKGS TVAREASDKE KAKDLPTFKD	240
	NDFLNEGQKL HVGEESKKNF LEKLKRDVEF LAQLKIMDYS LLVGIHDVDR AEQEEMEVEE	300
	RAEDEECEND GVGGNLILCSY GTPPDSPGNI LSFPFRFGPG EFDPSVDVYA MKSHESSPKK	360
35	EVYFMAIIDILTPYDTKKKA AHAAKTVKHG AGAEISTVNP EQYSKRFNEF MSNILT*	417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

5	MCGNNMSTPL PAIVPAARKA TAAVIFLHGL GDTGPVRPV	LNMMNVAMPSW FDIIGLSPDS	60
	QEDESGIKQA AENIKALIDQ EVKNGIPSNR IILGGFSQGG	ALSLYTALT QQKLAGVTAL	120
	SCWLPLRASF PQGPIGGANR DISILQCHGD CDPLVPLMFG	SLTVEKLKTL VNPNANVTFKT	180
	YEGMMHSSCQ QEMMDVKQFI DKLLPPID*		209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

10 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

LPKYPAPRLL	PSLPADLRAD SPGGHGRGPH GAQQLLVGAR LLGTPSWGPG GHLRLPVCQL	60
AGGAAPRHL	P ARGQHPAGQL AHCHVQLHIR QSTGQQRSL EGAGYRLIRE FHSRPALAPP	120
30 FIVISHLRL	L LRQLCRRPRS PQPSSPALEH FRVYLSKEAE RKLLTWESVH KENFLLARAR	180
DKRESDSERL	KRTSQKVVDLA LKQLGHIREY EQRLKVLERE VQQCSRVLGW VAEALSRSL	240
LPPGGPPPPD	LPGSKD*	257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

35 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AEAGGSLASG GPGPGHASLS QRLRLYLA	DS WNQCDLVALT CFLLGVGCRL TPGLYHLGRT	60
--------------------------------	-------------------------------------	----

VLCIDFMVFT VRLLHIFTVN KQLGPKIVIV SKMMKDVF <small>FF</small> LFFLGVLVA YGVATEGLLR	120
PRDSDFPSIL RRVFYR PYLQ IFGQIPQEDM DVALMEHSNC SSEPGFWAHP PGAQAGTCVS	180
QYANWLVVLL LVIFLLVANI LLVNLLIAMF SYTFGKVQGN SDLYWKAQVT ASSGNSTLGP	240
RWPRPLSSSP TCASC SGNCA GDPGAPS RPP RPSSISGFTF LRKPSGSC*	289

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

10

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

IYGVSFLIFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLL	60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVRLPRLP SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA	120
ACPSEALLSP PGSHGWFPLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ*	164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

30

- (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

45

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXXXQIRX FDXXKNRPXK	60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXXQSXID VXRIYTVXRN XRXXFXKNRN	120
TXWXXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM *	151

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL 120
V* 122

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
40 PRWVGGSNFL AMAAATPRQE TAELEGCNT RSNRQPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS* 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

45 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

10 NTNQFLSITY QYEVKKLRQP FLQIKHMNPM TFLTAEMPLP PQQLGRPVLE GSGCLLGRMC 60
TWNTGCAQIT PGTVCAPVRLKLASPTPWK PRRHTPVLDTCHEPEPKRPLT SGAPSTTSAG 120
PCCGQVARTL VPRVPSTVPG TWWILRSACC TEAVCSGKGC SEHRSLCI* 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

IQSDILCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTVK RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRGGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS 120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW* 159

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

5 AWGRSPGLAT RFKDVS DPSR YPLL RGRGRR GSAPGAGPVV GGRAGV RRVV QAALGGSEHA 60
LRLH HEHVVE VPHQH RQQWQ KRQAVAEASE GAAH GKGQPV DQPGDGKETS EQREQFEGIL 120
GQVSGKHGQV EEVENKELDR LGHISPVDLH LPPWLPKGPK GRKA* 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

10 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

25 PVMLFCPSAL WGATAGGGDP PAICGPVGPA LYSL LQPG AFHL PAPGYP QTAPSAHWSL 60
CRLPADILLAD LCRGPLLPRL RLRPDVSATA VDADVEPLLH VRGGAGAH AH CHREPPGLPG 120
PRPLGLRLQA PPLGLSLSAL ALGVGGSGLG LTHL* 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

30 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

45 XXLXSXVXXS WXXSTXATXK XPRWXDKXXS XQARPXXVXT XXQAFSLFQK GSEDGRPASQ 60
ERPDQXGRGL PQPQVSTRGS IRLSGXPLGS WWDGRGRWKR AEEMGSGWRV CASFEATSAG 120
50 HRLLNTKLVP TDELAMEEIX GRPLXPTGRA AHNSTSFPDR AGF* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

ATCGLHLWPR RKHKPSIHFP FPLPFSTSPF HPTSCXVAXQ KALLSPLLTL GAAAGLSXTG 60
20 LAFPERQVFR PQSLSGTRRM PVXRWXHXXA WPVRXSTCLX SGXAXTLPEW XEXMTXPLXX 120
PRXXREVSGY AGFPSSSWXA EFLGXXQIFX TL* 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

SCGPRGIASL GLGFSGRCDD QNKGRSRRAR GSGGGVFRGA HLPGAAGQPE PHRAALASRR 60
40 LTRKLYKCIK KAVKQKQIRR GVKEVQKFVN KGEKGIMVLA GDTLPIEVYC HLPVMCEDRN 120
LPYVYIPIPSKT DLGAAAGPSA PPV* 144

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

15 MASEELQKDL EEVKVVLLEKA TRKRVRDALT AEKS KIETEI KNKM QQKSQK KAE LL DNEKP 60
AAVVA PITTG YTVKIS NYGW DQSDKFV KIY IT LTGVH QVP TENVQVH FTE RSFDLLV KNL 120
NGKSYSMIVN NLLKPISVEG SSKKVKT DTV LILCRKKVEN TRWDYLTQVE KECKEKEKPS 180
YDTETDPSEG LMNV LKKIYE DGD DDMKRTI NKA WESREK QAKGDTEF* 229

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 10 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 15 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20 22. Ein Protein gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.
- 25 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 30 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 40 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- 45 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 in sense oder antisense Form.

5

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.

10

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

15

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87; 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

20

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

25

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

30

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

35

35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

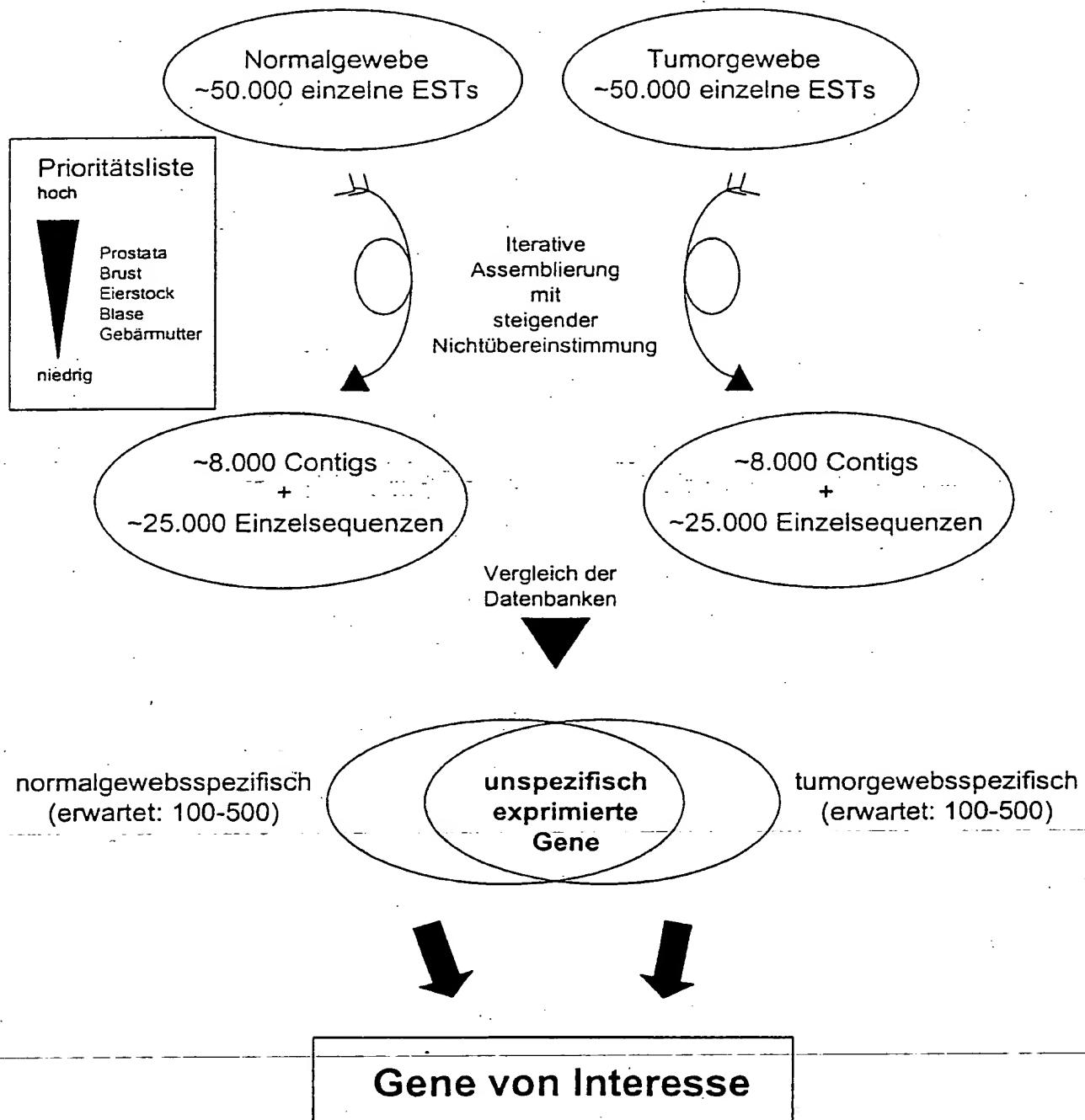


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

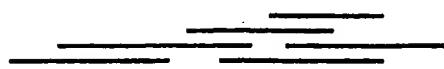
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0%
Nichtübereinstimmung
mit GAP4 (Staden)



Contigs



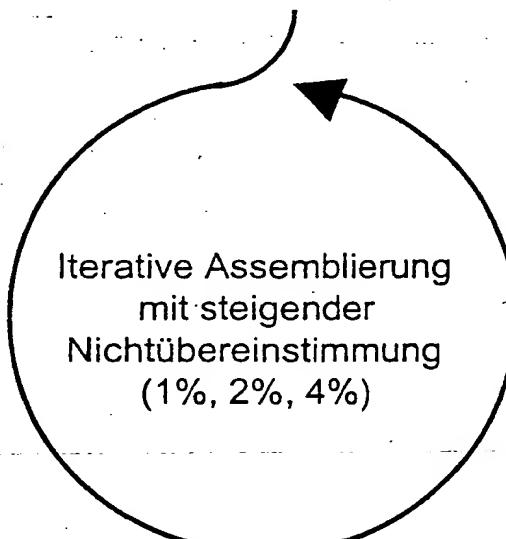
Einzelsequenzen



In Anzahl und Länge
zunehmenden Contigs



5000-6000 Contigs



~25.000 übrige
Einzelsequenzen

~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

3/10

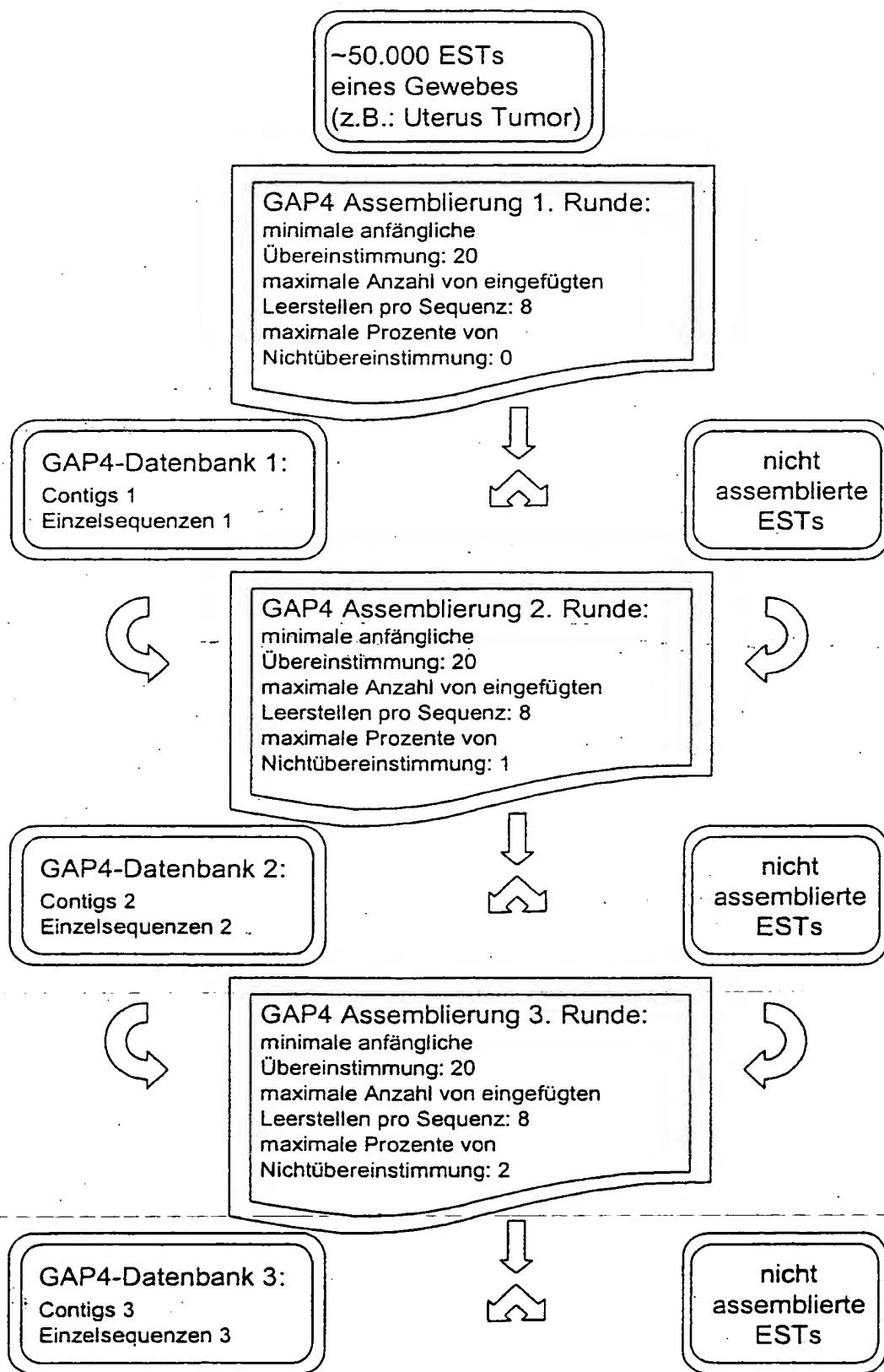


Fig. 2b1

4/10

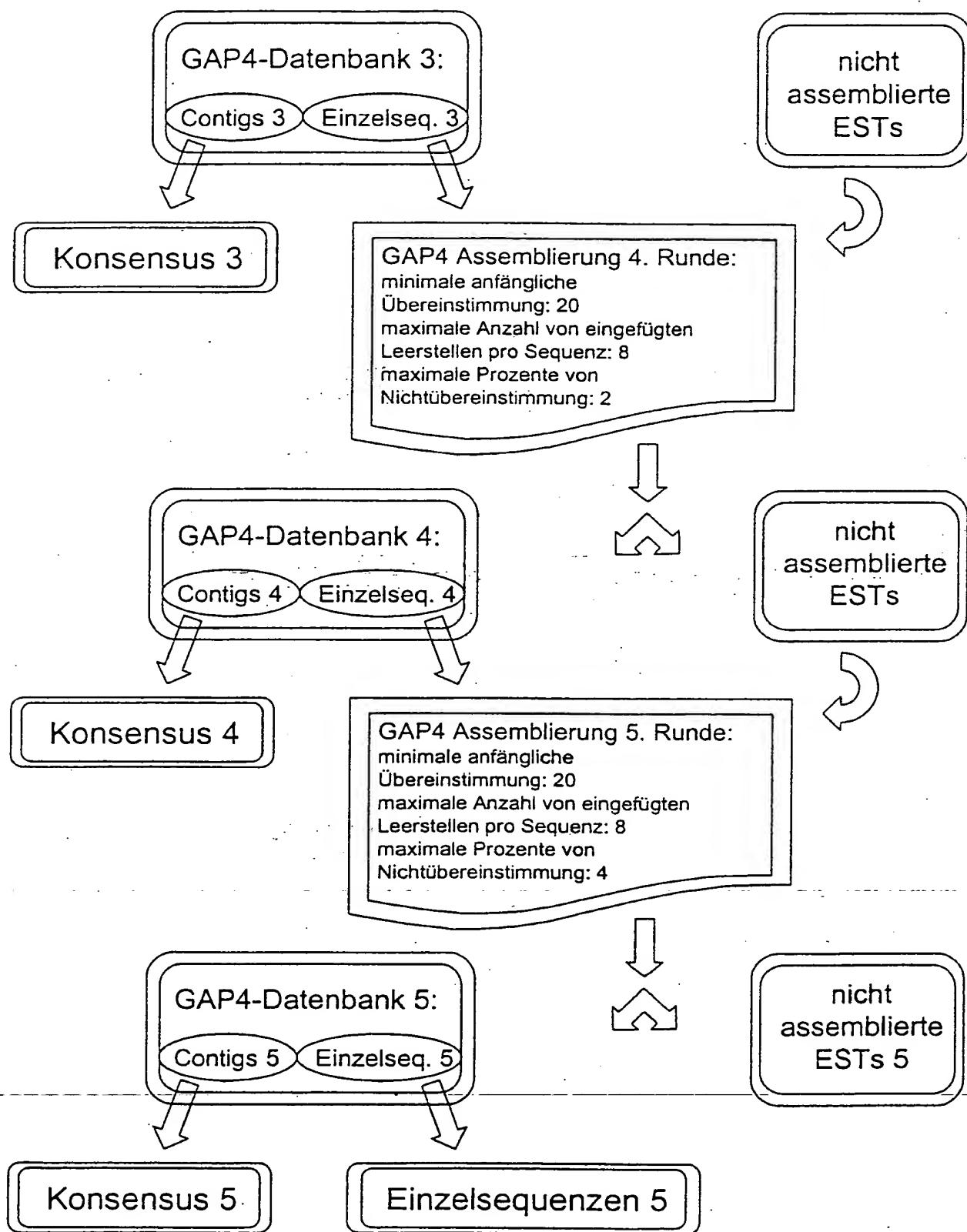


Fig. 2b2

5/10

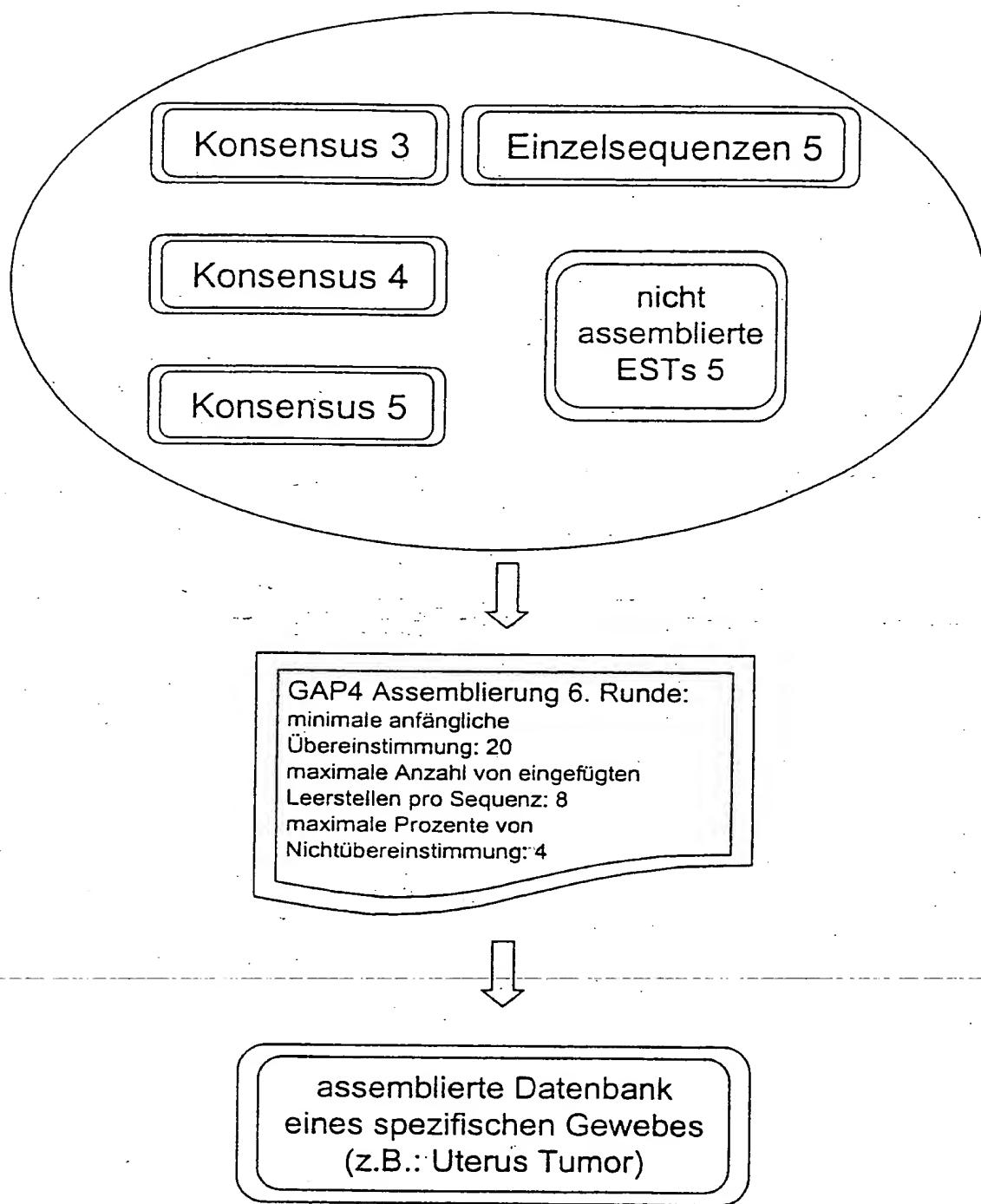


Fig. 2b3

6/10

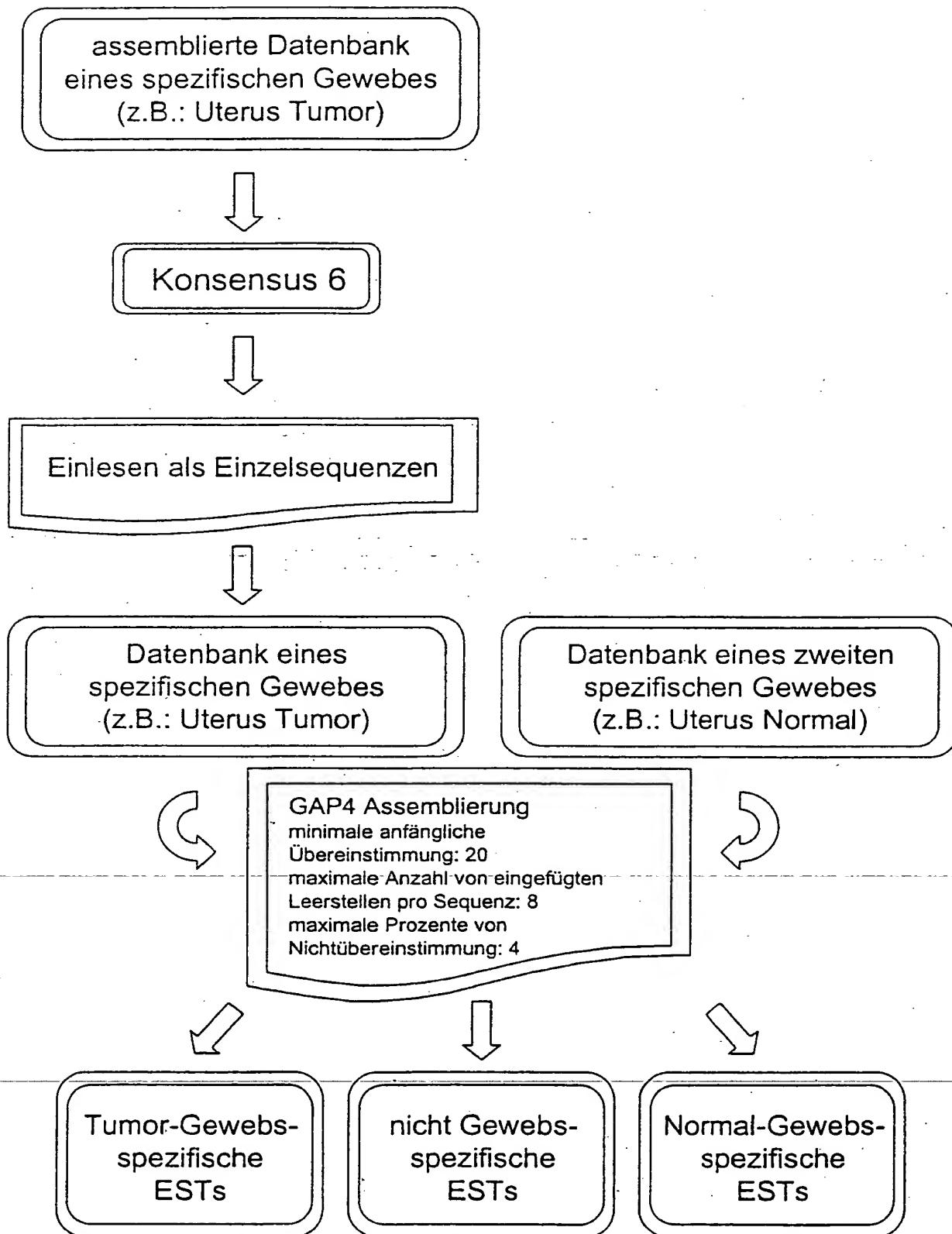


Fig. 2b4

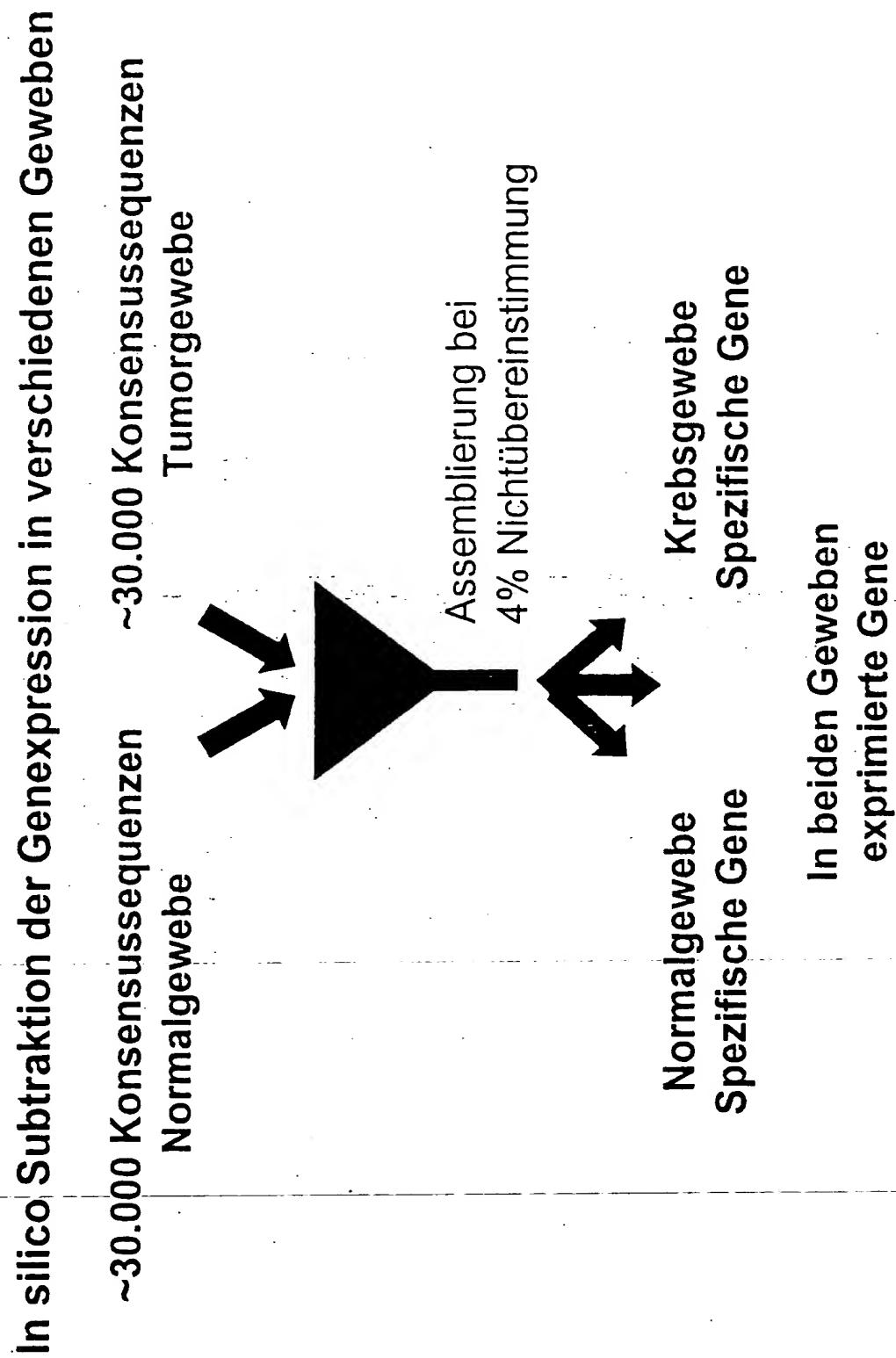
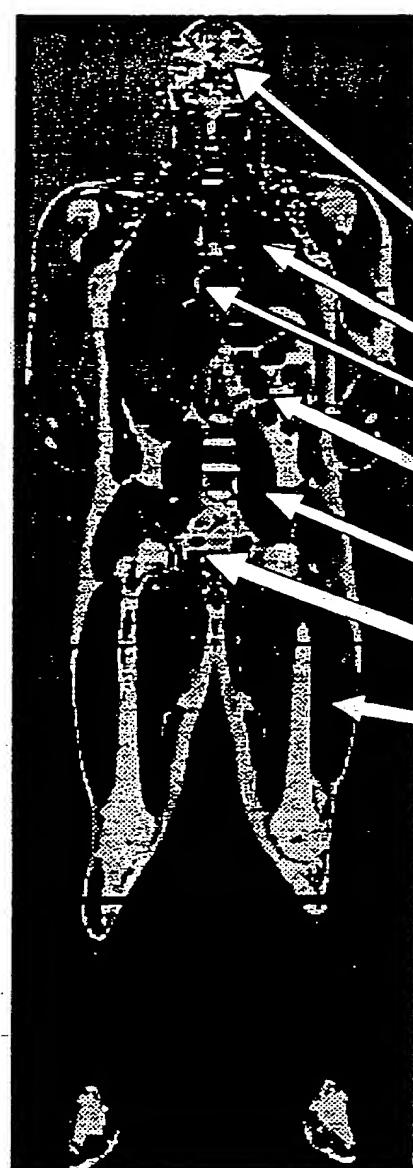


Fig. 3

8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

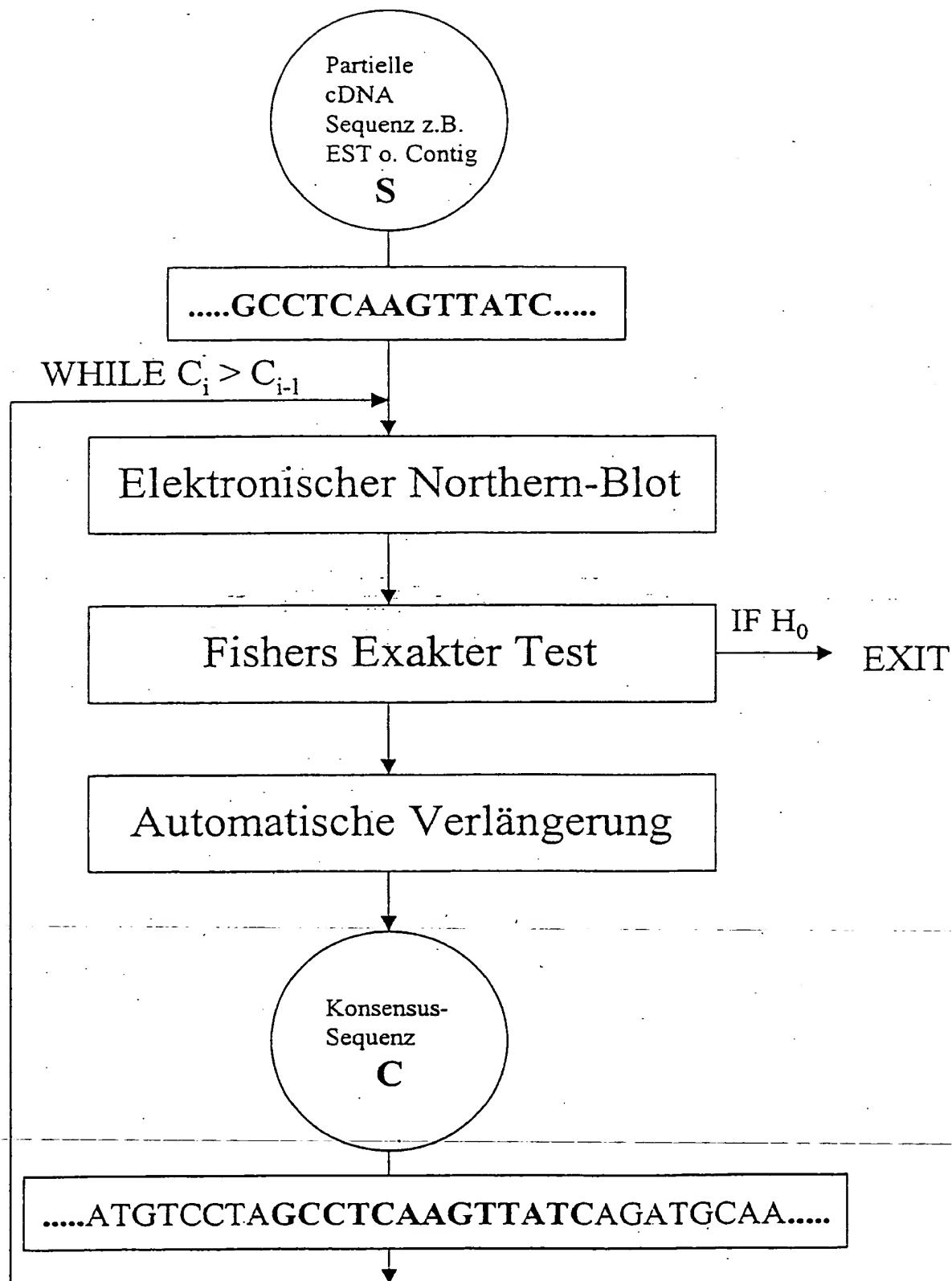


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

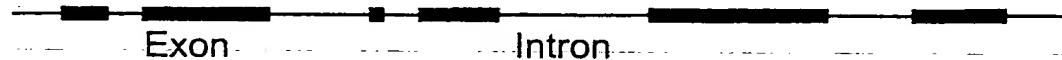
Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46374
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00721	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)	(Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i>
(30) Prioritätsdaten: 198 11 193.2 10. März 1998 (10.03.98) DE	(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)
(71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).	
(72) Erfinder; und	
(75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönheld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostataumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AÜ	Australien	GA	Gabun	LV	Leitland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/00721

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., vol. 267, 5 December 1992 (1992-12-05), pages 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 figure 4</p> <p>---</p>	<p>1,7, 10-12, 15-19, 23-25</p>
A	<p>WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 4 -page 16 page 22, line 7 - line 25 page 30, line 23 -page 36 page 55, line 7 -page 58 page 65 -page 71 claims</p> <p>---</p> <p>-/-</p>	1-33

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

Z document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

17 January 2000

Date of mailing of the international search report

17.04.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2230 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

ANDRES S.M.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. .nal Application No
PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 4, line 8 -page 9, line 7 page 20 -page 41 page 61, line 16 -page 66, line 3 page 85, line 20 -page 117 claims ---	1-33
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127622 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19 December 1997 (1997-12-19), XP002127623 the whole document ---	1,5-9
X	"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19 June 1997 (1997-06-19), XP002127624 the whole document ---	1,5-9
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127625 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219)-Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30 December 1997 (1997-12-30), XP002127626 the whole document ---	1,5-9
	-/-	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inten. Jurnal Application No

PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1 December 1998 (1998-12-01) the whole document ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1 October 1998 (1998-10-01) page 62 page 92 -page 111 page 312 -page 313 claims ----	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21 October 1999 (1999-10-21) page 1 -page 8 page 316, line 29 - line 53 claims; figures -----	1-33

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00721

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. Claims Nos.: 34-36 because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims 1-36 (all in part).

Remark on Protest

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
 No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT**ADDITIONAL MATTER****PCT/ISA/210**

International application No.

PCT/DE99/00721

The International Search Authority has found that this international application contains several (groups of) inventions as follows:

1. Claims: 1-36 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment coded for by SEQ ID 3. Polypeptide sequences relating to SEQ ID 57 (table 2) and the uses thereof. Medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID 57.

2. to 53. Claims: 1-36 (all in part)

The same as in the case of invention 1 but relating to the nucleic acid sequences SEQ ID 4, 6, 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31, 33-34, 36, 39, 44-53, 142 and 144-164 and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ ID 58-60, 64, 66-67, 70-71, 73-83, 86, 87, 89-90, 92, 94, 101-141, 143 and 165-199 and described in table 2.

54 to 58. Claims: 3, 5-19, 23-26, 29-33 (all in part)

Nucleic acid sequence relating respectively to SEQ ID 7, 13, 26, 37 or 40, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Corresponding polypeptide sequence(s) and described in table and the uses thereof. Medicament containing at least one of said sequences.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

See Supplemental Sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

International application No.

PCT/DE99/00721

2. Claims Nr.: 34-36

4. Claims 1-36 (all in part)

ADDITIONAL MATTER**PCT/ISA/210**

Continuation of Box I.2

Claims Nr.: 34-36

Patent claims 34-36 relate to an excessively large number of possible products, which is not supported by the description as defined by PCT Art. 6 and/or cannot be considered as disclosed in the patent application as defined by PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the necessary support and the patent application lacks the necessary disclosure to such an extent that a meaningful search covering the entire range of protection sought for appears to be impossible. For this reason, no search on said products and the uses thereof was carried out.

The applicant's attention is drawn to the fact that patent claims, or parts of patent claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective whether or not the patent claims are amended following receipt of the International Search Report (PCT Art. 19) or whether or not the applicant files new patent claims during any PCT Chapter II procedure.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/00721

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)		Publication date
WO 9736535	A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B		09-12-1999
		AU 2601797 A		22-10-1997
		EP 0904405 A		31-03-1999
<hr/>				
WO 9804689	A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A		27-10-1999
		US 5882864 A		16-03-1999
<hr/>				
US 5843665	A	01-12-1998	US 5981232 A	09-11-1999
<hr/>				
WO 9842738	A	01-10-1998	AU 6564698 A	12-10-1998
		EP 0970110 A		12-01-2000
		AU 6562798 A		20-10-1998
		AU 8768498 A		01-03-1999
		WO 9907891 A		18-02-1999
		AU 9679898 A		27-04-1999
		WO 9918208 A		15-04-1999
<hr/>				
WO 9953040	A	21-10-1999	DE 19817557 A	21-10-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES					
IPK 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie ^a	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., Bd. 267, 5: Dezember 1992 (1992-12-05), Seiten 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 Abbildung 4	1,7, 10-12, 15-19, 23-25
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 4 -Seite 16 Seite 22, Zeile 7 - Zeile 25 Seite 30, Zeile 23 -Seite 36 Seite 55, Zeile 7 -Seite 58 Seite 65 -Seite 71 Ansprüche	1-33

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

- * Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :
- *A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
- *E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
- *L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
- *O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benützung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
- *P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

- *T* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist
- *X* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden
- *Y* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist
- *Z* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

17. Januar 2000

17.04.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

ANDRES S.M.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int. nationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie ²	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 4, Zeile 8 -Seite 9, Zeile 7 Seite 20 -Seite 41 Seite 61, Zeile 16 -Seite 66, Zeile 3 Seite 85, Zeile 20 -Seite 117 Ansprüche ---	1-33
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127622 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : z142c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19. Dezember 1997 (1997-12-19), XP002127623 das ganze Dokument ---	1,5-9
X	"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19. Juni 1997 (1997-06-19), XP002127624 das ganze Dokument ---	1,5-9
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127625 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219)-Homo-sapiens-cDNA-clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30. Dezember 1997 (1997-12-30), XP002127626 das ganze Dokument ---	1,5-9

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie ²	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr. ³
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 in der Anmeldung erwähnt ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 in der Anmeldung erwähnt ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1. Dezember 1998 (1998-12-01) das ganze Dokument ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1. Oktober 1998 (1998-10-01) Seite 62 Seite 92 -Seite 111 Seite 312 -Seite 313 Ansprüche ----	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21. Oktober 1999 (1999-10-21) Seite 1 -Seite 8 Seite 316, Zeile 29 - Zeile 53 Ansprüche; Abbildungen -----	1-33

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. Ansprüche Nr. weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. Ansprüche Nr. 34-36 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. Ansprüche Nr. weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
Ansprüche 1-36 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
 Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/ DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptidsequenzen sich beziehend auf SEQ ID 57 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID 57.

2. bis 53. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6,10,12,15,17-24,27,29, 31,33-34,36,39,44-53,142 und 144-164, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 58-60, 64,66-67,70-71,73-83,86,87,89-90,92,94,101-141,143 und 165-199 sowie in Tabelle 2 beschrieben.

54. bis 58. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respektiv beziehend auf SEQ IDs 7,13,26,37 oder 40, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptidsequenz(en) sowie in Tabelle II beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser Sequenzen.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

WEITERE ANGABEN	PCT/ISA/ 210
Fortsetzung von Feld 1.2	
Ansprüche Nr.: 34-36	
<p>Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.</p> <p>Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.</p>	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur seinen Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 9736535 A	09-10-1997	US	5861248 A	19-01-1999
		AU	713610 B	09-12-1999
		AU	2601797 A	22-10-1997
		EP	0904405 A	31-03-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9804689 A	05-02-1998	AU	6642996 A	20-02-1998
		EP	0951541 A	27-10-1999
		US	5882864 A	16-03-1999
-----	-----	-----	-----	-----
US 5843665 A	01-12-1998	US	5981232 A	09-11-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9842738 A	01-10-1998	AU	6564698 A	12-10-1998
		EP	0970110 A	12-01-2000
		AU	6562798 A	20-10-1998
		AU	8768498 A	01-03-1999
		WO	9907891 A	18-02-1999
		AU	9679898 A	27-04-1999
		WO	9918208 A	15-04-1999
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9953040 A	21-10-1999	DE	19817557 A	21-10-1999
-----	-----	-----	-----	-----